

PCT/KR 2004/000752

RO/KR 29. 04. 2004



REC'D 13 MAY 2004

WIPO

PCT

별첨 사본은 아래 출원의 원본과 동일함을 증명함.

This is to certify that the following application annexed hereto is a true copy from the records of the Korean Intellectual Property Office.

출원 번호 : 10-2003-0020023
Application Number

출원 년 월 일 : 2003년 03월 31일
Date of Application
MAR 31, 2003

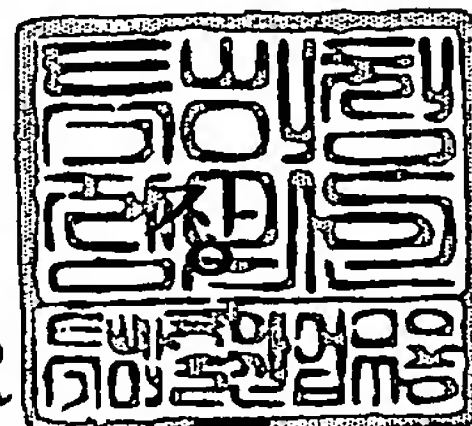
PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

출원인 : 주식회사 알진텍 외 2명
Applicant(s)
ALGENTECH, et al.



2004 년 04 월 29 일

특 허 청
COMMISSIONER



【서지사항】

【서류명】	특허출원서
【권리구분】	특허
【수신처】	특허청장
【제출일자】	2003.03.31
【발명의 명칭】	카로티노이드계 색소 생합성에 관여하는 유전자
【발명의 영문명칭】	Genes involved in the biosynthesis of carotenoids
【출원인】	
【성명】	김영태
【출원인코드】	4-1998-039808-4
【출원인】	
【성명】	이재형
【출원인코드】	4-2003-011731-1
【출원인】	
【명칭】	주식회사 알진텍
【출원인코드】	1-2001-008962-2
【대리인】	
【성명】	이원희
【대리인코드】	9-1998-000385-9
【포괄위임등록번호】	2003-019988-1
【포괄위임등록번호】	2003-019853-9
【포괄위임등록번호】	2003-004687-1
【발명자】	
【성명】	김영태
【출원인코드】	4-1998-039808-4
【발명자】	
【성명】	이재형
【출원인코드】	4-2003-011731-1
【심사청구】	청구
【미생물기탁】	
【기탁기관명】	한국미생물보존센터 (KCCM)
【수탁번호】	KCCM-10460
【수탁일자】	2003.01.24

【핵산염기 및 아미노산 서열목록】**【서열개수】** 15**【서열목록의 전자파일】** 첨부

【취지】 특허법 제42조의 규정에 의한 출원, 특허법 제60조의 규정에 의한 출원심사를 청구합니다. 대리인
이원희 (인)

【수수료】**【기본출원료】** 20 면 29,000 원**【가산출원료】** 33 면 33,000 원**【우선권주장료】** 0 건 0 원**【심사청구료】** 16 항 621,000 원**【합계】** 683,000 원**【감면사유】** 소기업 (70%감면)**【감면후 수수료】** 204,900 원

【첨부서류】 1. 요약서·명세서(도면)_1통 2.미생물기탁증명서_1통 3.소기업임을 증명하는 서류_1통

【요약서】**【요약】**

본 발명은 카로티노이드 생합성에 관여하는 유전자에 관한 것으로서, 보다 상세하게는 카로티노이드 생합성에 필요한 단백질을 코딩하는 서열번호 2, 서열번호 4, 서열번호 6, 서열번호 8, 서열번호 10 및 서열번호 12로 기재되는 유전자를 포함하는 카로티노이드 생합성 유전자에 관한 것이다. 본 발명에 따른 카로티노이드 생합성 유전자는 카로티노이드의 대량 생산에 매우 유용하게 사용될 수 있다.

【대표도】

도 8

【색인어】

카로티노이드, 아스타잔틴

【명세서】

【발명의 명칭】

카로타노이드계 색소 생합성에 관여하는 유전자{Genes involved in the biosynthesis of carotenoids}

【도면의 간단한 설명】

도 1은 카로티노이드의 생합성 경로를 도시한 것이다.

도 2는 파라코커스 해운대시스로부터 분리된 DNA 단편에 존재하는 첫 번째 ORF(open reading frame)의 아미노산 서열과 알칼리제네스 속 미생물과 브라디리조비움 속 미생물로부터 분리된 β -카로텐 케토티아제(β -carotene ketolase; crtW)의 아미노산 서열을 비교한 결과이다.

P. haeundaesis: 파라코커스 해운대시스

Alcaligenes_sp: 알칼리제네스 속

Bradyrhizobium_sp: 브라디리조비움 속

Consensus: 일치하는 아미노산 서열

도 3은 파라코커스 해운대시스로부터 분리된 DNA 단편에 존재하는 두 번째 ORF의 아미노산 서열과 알칼리제네스 속 미생물로부터 β -카로텐 하이드록실레이즈(β -carotene hydroxylase; crtZ)의 아미노산 서열을 비교한 결과이다.

P. haeundaesis: 파라코커스 해운대시스

Alcaligenes_sp: 알칼리제네스 속

Consensus: 일치하는 아미노산 서열

도 4는 파라코커스 해운대시스로부터 분리된 DNA 단편에 존재하는 세 번째 ORF의 아미노산 서열과 플라보박테리움 속 미생물로부터 분리된 리코펜 싸이클레이즈(licopen cyclase; crtY)의 아미노산 서열을 비교한 결과이다.

P. haeundaesis: 파라코커스 해운대시스

Flavobacterium_sp: 플라보박테리움 속

Consensus: 일치하는 아미노산 서열

도 5는 파라코커스 해운대시스로부터 분리된 DNA 단편에 존재하는 네 번째 ORF의 아미노산 서열과 플라보박테리움 속 미생물로부터 분리된 피토엔 디세튜레이즈(phytoene desaturase; crtI)의 아미노산 서열을 비교한 결과이다.

P. haeundaesis: 파라코커스 해운대시스

Flavobacterium_sp: 플라보박테리움 속

Consensus: 일치하는 아미노산 서열

도 6은 파라코커스 해운대시스로부터 분리된 DNA 단편에 존재하는 다섯 번째 ORF의 아미노산 서열과 플라보박테리움 속 미생물로부터 분리된 피토엔 신테이즈(phytoene synthase; crtB)의 아미노산 서열을 비교한 결과이다.

P. haeundaesis: 파라코커스 해운대시스

Flavobacterium_sp: 플라보박테리움 속

Consensus: 일치하는 아미노산 서열

도 7은 파라코커스 해운대시스로부터 분리된 DNA 단편에 존재하는 여섯 번째 ORF의 아미노산 서열과 플라보박테리움 속 미생물로부터 분리된 제라닐제라닐 피로포스페이트 신테이즈 (geranylgeranyl pyrophosphate synthase; crtE)의 아미노산 서열을 비교한 결과이다.

P. haeundaesis: 파라코커스 해운대시스

Flavobacterium_sp: 플라보박테리움 속

Consensus: 일치하는 아미노산 서열

도 8은 파라코커스 해운대시스로부터 분리된 crt 유전자의 구성(organization)을 도시화한 것이다.

도 9는 본 발명의 pCR-XL-TOPO-crtfull 벡터의 개열지도를 나타낸 것이다.

도 10은 본 발명의 crt 유전자가 도입된 형질전환체의 배양액으로부터 추출된 메탄올 추출액의 흡광도 변화(190-890 nm:A 및 350-550 nm :B)를 스캐닝한 결과를 도시한 것으로서, 450 nm의 피크는 β -카로텐의 고유 피크이고, 470 nm의 피크는 아스타잔틴의 고유 피크이다.

【발명의 상세한 설명】

【발명의 목적】

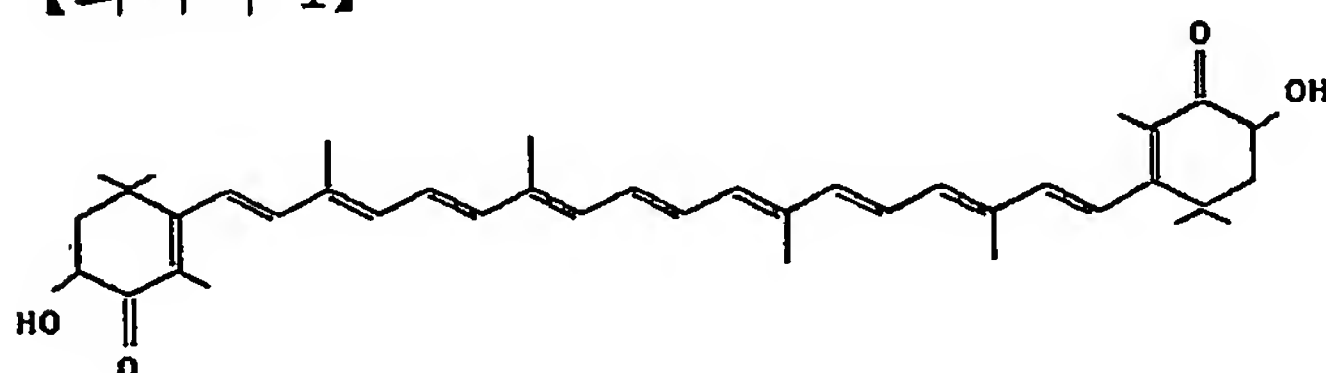
【발명이 속하는 기술분야 및 그 분야의 종래기술】

<30> 본 발명은 카로티노이드 생합성에 관여하는 유전자에 관한 것으로서, 보다 상세하게는 카로티노이드 생합성에 필요한 서열번호 2, 서열번호 4, 서열번호 6, 서열번호 8, 서열번호 10 및 서열번호 12의 유전자를 포함하는 카로티노이드 생합성 유전자에 관한 것이다.

<31> 카로티노이드(carotenoids)는 항산화 활성을 가지고 있는 C₄₀ 이소프레노이드 화합물(isoprenoid compounds)로서, 자연계에 널리 분포되어 있는 한 군의 색소의 총칭을 말한다. 현재까지 알려진 카로티노이드는 6백여 종에 이르며, 이들은 각각 다른 형태로 존재한다. 카로티노이드는 분자 구조에 따라 노란색, 적색, 주홍색, 주황색 등 여러 색으로 존재한다. 그 예로는 β-카로텐(β-carotene; 당근의 주황색 색소), 리코펜(licopen; 토마토의 적색 색소), 푸코잔틴(fucoxanthin; 해조류의 황갈색 또는 갈색 색소) 등이 있다. 카로티노이드는 인체 내에서 비타민 A의 전구체로서의 역할을 하며, 산화 방지효과와 유해산소 소거작용, 암세포의 증식 억제작용 및 발암 억제작용이 강하여 순환기 질환, 암 및 성인병 등을 예방하는 효능을 가진 것으로 알려져 있다. 최근에는 카로티노이드가 직접적인 자외선에 의한 신체의 면역기능을 향상시켜 자외선 노출로부터 피부의 손상을 줄여주거나 멜라닌 생성을 억제함이 밝혀지면서 유럽이나 미국에서 미용 소재로 각광을 받기 시작했다. 현재 카로티노이드는 건강식품 소재(영양 보충제), 인간을 대상으로 한 약학적 제제와 식품 착색제 또는 동물용 사료의 색소 등으로 사용되고 있다.

<32> 카로티노이드 중에서도 하기 화학식 1로 표시되는 구조를 가지는 아스타잔틴(3, 3'-dihydroxy-β, β-carotene-4, 4'-dione)은 천연적으로 생산되는 주홍색 또는 밝은 오렌지색의 색소 물질이다.

<33> 【화학식 1】



<34> 아스타잔틴은 주로 새우, 붉은 도미류(red seabream), 연어(salmon) 및 바다가재 (lobsters) 등과 같은 해양 동물 조직에 존재하는 것으로 알려져 있다(Fujita *et al.*, *Nippon Suisan Gakkaishi.*, 49: 1855-1869, 1983; Johnson, E. A., *Crit. Rev. Biotechnol.*, 11: 297-326, 1991; Nelis *et al.*, *J. Appl. Bacteriol.*, 70: 181-191, 1991). 아스타잔틴은 정상적인 호기적 대사과정 중 활성산소가 세포 내 DNA, 단백질, 지질 등을 손상시키는 것과 더불어 세포와 조직의 노화 및 발암을 유발하는 반응을 억제할 뿐만 아니라, 유리 라디칼(hydroxy or peroxy radicals)의 생성을 억제하는 작용을 한다(Palozza *et al.*, *Arch. Biochem. Biophys.*, 297: 291-295, 1992; Shimidzu *et al.*, *Fish Sci.*, 62: 134-137, 1996). 또한, 아스타잔틴은 면역 조절 활성(immune modulatory activity) 및 심장 조절 효과(cardioprotective effect)를 갖는 것으로 알려졌다(Jyonuchi *et al.*, *Nutr. Cancer.*, 19: 269-280, 1993). 특히, 아스타잔틴의 항산화력은 다른 카로티노이드의 10배 이상이고, α -토코페롤(tocopherol)의 100배 이상인 것으로 알려져 있다. 또한, 현재까지 아스타잔틴의 독성(toxicity)에 대해서는 보고된 바 없다. 따라서, 아스타잔틴은 신경질환(neurodegenerative diseases), 암(cancer), 면역질환(immune disorders), 심장혈관질환(cardiovascular diseases) 등을 포함하는 다양한 질환의 치료 및 예방에 이용되고 있고, 또한 이에 대한 연구가 계속 되고 있다(Beal, H. F., *The Neuroscientist*, 3: 21-27, 1991; Chew *et al.*, *Anticancer Res.*, 19: 1849-1853, 1999; Murillo E., *Arch. Latinoam. Nutr.*, 42: 409-413, 1992). 또한, 아스타잔틴은 산업적으로 색소증진 물질로 이용되고 있으며, 우리나라에서는 '파피아 색소'라는 명칭으로 식품첨가물로 등록되어 있다. 이러한 이유로 아스타잔틴의 수요는 매년 15% 이상의 소비성장을 보이고 있으며, 이에 따라 아스타잔틴의 중요성이 대두되고 있다.

<35> 최근에 스위스의 호프만-라로체(F. Hoffman-LaRoche)사에서 아스타잔틴의 화학 합성법을 개발하였으나, 화학합성으로 제조된 아스타잔틴은 천연 아스타잔틴에 비해 낮은 생체 흡수율을 보이고, 식품 첨가제로서의 안전성에 문제가 되고 있어 유럽의 일부 국가에서만 사용이 허가된 상태이다. 따라서, 천연 아스타잔틴의 합성법에 관심이 집중되고 있으며, 아스타잔틴을 생산하는 미생물을 이용한 아스타잔틴의 제조에 상업적 관심이 일고 있다. 현재 아스타잔틴을 생산하는 것으로 알려진 미생물로는 효모인 파피아 로도지마(*Phaffia rhodozyma*; Miller *et al.*, *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 48: 529-536, 1976), 녹색조류인 해마토코커스 플루비알리스(*Haematococcus pluvialis*; Bubrick, *Bioresour Technol.*, 38: 237-239, 1991), 그람-양성균 브레비박테리움 103(*Brevibacterium* 103; Lizuka & Nishimura, *J. Gen. Appl. Microbiol.*, 15: 127-134, 1969), 그람-음성균 아그로박테리움 아우란티아컴(*Agrobacterium aurantiacum*; Yokoyama *et al.*, *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 58: 1842-1844, 1994), 파라코커스 마르쿠시아(*Paracoccus marcusii*; Harker *et al.*, *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 48: 543-548, 1998) 및 파라코커스 카로티니파시엔스(*Paracoccus carotinifaciens*; Tsubokura *et al.*, *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 49: 277-282, 1999) 등이 알려져 있다.

<36> 한편, 최근 6년 동안 카로티노이드 생합성에 관여하는 효소들을 코딩하는 유전자들에 대해 연구되어 왔다. 그 결과, 많은 카로티노이드 생합성 유전자들이 다양한 미생물로부터 클로닝되었으며, 이들의 기능이 규명되었다(Armstrong, G. A., *J. Bacteriol.*, 176: 4795-4802, 1994; Sandmann, G., *Eur. J. Biochem.*, 223: 7-24, 1994; Wieland, B., *J. Bacteriol.*, 176: 7719-7726, 1994). 카로티노이드 생합성 경로는 일반적인 이소프레노이드(isoprenoid) 경로의 중요한 중간 생성물인 FPP(farnesyl pyrophosphate)로부터 파생한다. 도 1을 참조하면, FPP

와 IPP(isopentenyl pyrophosphate)는 *crtE*에 의해 암호화되는 제라닐제라닐 피로포스페이트 신테아제(geranylgeranyl pyrophosphate synthase)에 의해 GGPP(geranylgeranyl pyrophosphate)로 된다. 이후, GGPP는 *crtB*에 의해 암호화되는 피토엔 신테아제(phytoene synthase), *crtI*에 의해 암호화되는 피토엔 디세투레이즈(phytoene desaturase), 그리고 *crtY*에 의해 암호화되는 리코펜 싸이클레이즈(lycopene cyclase)에 의해 일련의 반응을 거쳐 β -카로텐로 전환된다. β -카로텐은 *crtH*에 의해 암호화되는 β -카로텐 케토티아제(β -carotene ketolase)와 *crtZ*에 의해 암호화되는 β -카로텐 하이드록실레이즈(β -carotene hydroxylase)에 의해 일련의 반응을 거쳐 아스타잔틴으로 전환된다.

- <37> 카로티노이드 생합성에 관여하는 *crt* 유전자(carotenogenic gene)의 염기서열, 이의 구성(organization) 및 단백질의 특성이 로도박터 캡슐라터스(*Rhodobacter capsulatus*)(Armstrong *et al.*, *Mol. Gen. Genet.*, 216: 254-268, 1989)와 에르위니아 헤르비콜라(*Erwinia herbicola*)(Sandimann *et al.*, *FEMS Microbiol. Lett.*, 71: 77-82, 1990; Hundle *et al.*, *Photochem. Photobiol.*, 54: 89-93, 1991) 및 에르위니아 우레도보라(*Erwinia uredovora*)(Misawa *et al.*, *J. Bacteriol.*, 172: 6704-6712, 1990)에서 규명된 바 있다. 또한, *crtB*, *crtI*, *crtY*, *crtH* 및 *crtZ*로 이루어진 카로티노이드 생합성 *crt* 유전자가 해양미생물인 아그로박테리움 아우란티아킴으로부터 분리된 바 있으며(Norihiko *et al.*, *J. Bacteriol.*, 177(22): 6575-6584, 1995), GGPP로부터 β -카로텐까지의 반응을 촉매하는 효소들을 코딩하는 3개의 유전자들(*crtB*, *crtI* 및 *crtY*)과 이들이 도입된 과피아 로도지마에 대해 보고된 바 있다(WO 97/23633).

<38> 이에, 본 발명자들은 아스타잔틴을 생산하는 파라코커스 해운대시스로부터 카로티노이드 생합성에 관여하는 유전자들을 분리하기 위해 연구를 거듭하던 중, *crtE*, *crtB*, *crtI*, *crtY*, *crtW* 및 *crtZ* 유전자, 그리고 이들을 포함하는 *crt* 유전자를 클로닝하여 그의 염기서열을 규명하고, 상기 *crt* 유전자를 이용하여 카로티노이드를 생산하지 않는 미생물에서 카로티노이드를 생산할 수 있음을 규명함으로써 본 발명을 완성하였다.

【발명이 이루고자 하는 기술적 과제】

- <39> 본 발명의 목적은 카로티노이드 생합성에 필요한 단백질을 코딩하는 유전자를 제공하는 것이다.
- <40> 본 발명의 또 다른 목적은 상기 유전자를 포함하는 재조합 벡터를 제공하는 것이다.
- <41> 나아가, 본 발명의 또 다른 목적은 상기 유전자를 이용하여 카로티노이드를 생산하는 방법을 제공하는 것이다.

【발명의 구성】

- <42> 상기와 같은 목적을 달성하기 위하여, 본 발명은 카로티노이드 생합성에 필요한 단백질을 코딩하는 서열번호 2, 서열번호 4, 서열번호 6, 서열번호 8, 서열번호 10 및 서열번호 12로 구성된 군으로부터 선택되는 염기서열을 갖는 유전자를 제공한다.
- <43> 또한, 본 발명은 상기 유전자를 포함하는 카로티노이드 생합성 유전자를 제공한다. 구체적으로 본 발명은 서열번호 1로 기재되는 염기서열을 갖는 *crt* 유전자를 제공한다.
- <44> 또한, 본 발명은 상기 카로티노이드 생합성 유전자를 포함하는 재조합 벡터를 제공한다.

- <45> 또한, 본 발명은 상기 카로티노이드 생합성 유전자를 이용하여 카로티노이드를 생산하는 방법을 제공한다.
- <46> 이하, 본 발명을 상세히 설명한다.
- <47> 본 발명은 카로티노이드 생합성에 필요한 단백질을 코딩하는 서열번호 2, 서열번호 4, 서열번호 6, 서열번호 8, 서열번호 10 및 서열번호 12로 이루어진 군에서 선택되는 염기서열을 갖는 유전자를 제공한다.
- <48> 상기 유전자는 아스타잔틴을 생산하는 파라코커스 해운대시스(기탁번호:KCCM-10460)로부터 분리된 유전자이다.
- <49> 본 발명의 카로티노이드 생합성에 필요한 단백질을 코딩하는 유전자는 서열번호 2, 서열번호 4, 서열번호 6, 서열번호 8, 서열번호 10 및 서열번호 12로 구성된 군으로부터 선택되는 유전자인 것이 바람직하다. 상기 서열번호 2, 서열번호 4, 서열번호 6, 서열번호 8, 서열번호 10 및 서열번호 12로 기재되는 염기서열은 각각 서열번호 3, 서열번호 5, 서열번호 7, 서열번호 9, 서열번호 11 및 서열번호 13으로 기재되는 아미노산을 암호화하는 서열이다. 본 발명의 6개의 유전자 및 이로부터 코딩되는 단백질에 대하여 하기 표 1에 기재하였다.

<50>

【표 1】

유전자	유전자명	단백질	단백질의 아미노산 서열
서열번호 2	<i>crtW</i>	β -카로텐 케토레이즈 (β -carotene ketolase)	서열번호 3
서열번호 4	<i>crtZ</i>	β -카로텐 하이드록실레이즈 (β -carotene hydroxylase)	서열번호 5
서열번호 6	<i>crtY</i>	리코펜 싸이클레이즈(licopene cyclase)	서열번호 7
서열번호 8	<i>crtI</i>	피토엔 디세튜레이즈 (phytoene desaturase)	서열번호 9
서열번호 10	<i>crtB</i>	피토엔 신테이즈(phytoene synthase)	서열번호 11
서열번호 12	<i>crtE</i>	제라닐제라닐 피로포스페이트 신테이즈 (geranylgeranyl pyrophosphate synthase)	서열번호 13

<51> 본 발명에 따라 제공되는 유전자들은 다양한 숙주세포에 도입되어 카로티노이드를 생산하는데 유용하게 사용될 수 있다. 상기 유전자들은 단독으로 사용될 수도 있으며, 2개 이상이 함께 사용될 수도 있다. 예컨대, 리코펜 싸이클레이즈를 코딩하는 서열번호 6으로 기재되는 유전자는 *crtE*, *crtB* 및 *crtI*만을 가지고 있는 미생물에 도입되어 β -카로텐을 생산하는데 사용될 수 있으며, β -카로텐 케토레이즈 및 β -카로텐 하이드록실레이즈를 각각 코딩하는 서열번호 2 및 서열번호 4로 기재되는 유전자는 β -카로텐을 생산하는 미생물(예: 파피라 로도지마 ATCC96815)에 도입되어 아스타잔틴을 생산하는데 사용될 수 있다.

<52> 또한, 본 발명은 상기 유전자들을 모두 포함하는 카로티노이드 생합성 유전자를 제공한다.

<53> 상기 카로티노이드 생합성 유전자는 서열번호 1로 기재되는 염기서열을 갖는 것이 바람직하다. 본 발명의 카로티노이드 생합성 유전자(carotenoid synthesis gene, 이하 '*crt* 유전자'라 약칭함)는 FPP(farnensyl pyrophosphate)로부터 아스타잔틴을 생산하는 과정에 관여하는

모든 카로티노이드 생합성 유전자들을 포함한다. 본 발명의 *crt* 유전자의 구성을 도 8에 도시하였다. 도 8에서 보는 바와 같이, 본 발명의 *crt* 유전자는 6,223 bp의 크기이며, 그 내부에는 5'→3' 방향으로 *crtW*, *crtZ*, *crtY*, *crtI*, *crtB* 및 *crtE* 유전자가 순서대로 위치하고 있다. 또한, 그 내부에는 *KpnI*, *SmaI*, *XmaI*, *ClaI*, *HindIII* 및 *BamHI* 인식서열이 하나씩 존재하고 있다. *crtW*, *crtZ*, *crtY*, *crtI* 및 *crtB* 유전자들은 종결코돈(stop codon)과 그 다음 유전자의 시작코돈(start codon)이 중첩(overlap)되어 존재한다. 특히, *crtE* 유전자는 상보적 가닥(complementary strand)의 방향으로 존재한다.

<54> 또한, 본 발명은 상기 카로티노이드 생합성 유전자를 포함하는 재조합 벡터를 제공한다.

<55> 본 발명의 재조합 벡터는 *crt* 유전자를 기본 벡터에 삽입하여 제조한 것이다. 본 발명에서 사용될 수 있는 기본 벡터는 유전자의 클로닝 또는 발현에 일반적으로 사용되는 벡터라면 제한없이 사용될 수 있다. 또한, 벡터는 숙주세포에 따라 달라질 수 있다. 즉, 숙주세포로 대장균을 사용하는 경우에는 대장균의 복제기원을 가지고 있는 대장균용 벡터를 사용하는 것이 바람직하고, 효모를 사용하는 경우에는 효모의 복제기원을 가지고 있는 효모용 벡터를 사용하는 것이 바람직하다. 또한, 대장균과 효모의 복제기원을 둘 다 가지고 있는 셔틀 벡터(shuttle vector)를 사용할 수도 있다. 본 발명의 바람직한 실시예에서는 pCR-XL-TOPO 벡터를 사용하여 *crt* 유전자를 포함하는 재조합 벡터를 제조하였으며, 이를 'pCR-XL-TOPO crtfull'이라 명명하였다.

- <56> 또한, 본 발명은 상기 카로티노이드 생합성 유전자를 포함하는 재조합 벡터를 숙주세포에 형질도입한 균주를 제공한다.
- <57> 상기에서 숙주세포는 대장균 또는 효모를 사용할 수 있으며, 대장균은 XL1-Blue, TOP0, BL21(DE3) 코돈 플러스(codon plus), DH1 및 DH5 α 균주로 구성된 균으로부터 선택되는 것이 바람직하나 반드시 이에 한정되는 것은 아니다. 본 발명의 바람직한 실시예에서는 서열번호 1로 기재되는 *crt* 유전자를 포함하는 재조합 벡터 pCR-XL-TOP0 crtfull을 대장균인 BL21(DE3) 코돈 플러스에 형질도입한 균주를 제조하였다.
- <58> 또한, 본 발명은 카로티노이드 생합성 유전자를 이용하여 카로티노이드를 생산하는 방법을 제공한다.
- <59> 본 발명의 카로티노이드 생산 방법은
- <60> 1) 서열번호 1의 *crt* 유전자를 클로닝하는 단계;
- <61> 2) 단계 1의 유전자를 삽입한 재조합 벡터를 제조하는 단계;
- <62> 3) 단계 2의 재조합 벡터를 숙주세포에 형질도입하는 단계;
- <63> 4) 단계 3의 형질도입된 균주를 배양하여 그 배양액으로부터 카로티노이드를 회수하는 단계를 포함한다.
- <64> 상기에서 숙주세포로는 대장균을 사용할 수 있다. 이 때 대장균으로는 일반적인 형질전환에 사용되는 것이라면 제한없이 사용될 수 있으나, XL1-Blue, TOP0, BL21(DE3) 코돈 플러스(codon plus), DH1 및 DH5 α로 구성된 균으로부터 선택되는 것을 사용하는 것이 바람직하다.

본 발명의 바람직한 실시예에서는 BL21(DE3) 코돈 플러스를 사용하였다. 또한, 본 발명의 방법에 사용될 수 있는 숙주세포는 대장균에만 제한되는 것은 아니며, 효모를 사용할 수 있다.

<65> 상기에서 배양은 단계 1 내지 단계 3을 통해 제조된 균주를 생육가능한 배지에서 1차 배양하고 배양액으로부터 균체를 회수한 후, 다시 상기 균체에 유기용매를 첨가하여 4℃에서 하룻밤 동안 2차 배양하는 것이 바람직하다. 이 때 배양액에 카로티노이드의 생성을 유도하는 유도제(inducer), 예컨대 IPTG(isopropyl-beta-D-thiogalactopyranside)를 추가로 첨가할 수 있으며, 또한 카로티노이드 기질, 예컨대 FPP(farnesyl pyrophosphate), GGPP(geranylgeranyl diphosphate) 또는 GPP(geranylpyrophosphate)를 추가로 첨가할 수 있다. 상기 배양액으로부터 카로티노이드를 용출하기 위한 유기용매로는 메탄올, 아세톤 또는 에틸에테르를 사용할 수 있으며, 보다 바람직하게는 메탄올을 사용하는 것이 바람직하다. 또한, 배양액으로부터 카로티노이드의 회수는 HPLC(high performance liquid chromatography) 또는 TLC(thin-layer chromatography)를 이용하여 당업계에 공지된 방법에 따라 수행할 수 있다.

<66> 본 발명의 바람직한 실시예에서는 상기 단계를 통해 *crt* 유전자를 포함하는 형질전환 균주로부터 생산된 아스타잔틴의 양을 측정한 결과, 110 $\mu\text{g/g}$ (dry weight)를 생산하여 아스타잔틴 생산균주인 파라코커스 해운대시스가 생산하는 아스타잔틴의 양(25 $\mu\text{g/g}$ (dry weight)) 보다 훨씬 뛰어남을 확인하였다. 따라서, 본 발명의 아스타잔틴을 생산하는 방법은 아스타잔틴을 생산하지 않는 균주에서도 카로티노이드 생합성 유전자를 이용하여 대량으로 아스타잔틴을 생산할 수 있어, 아스타잔틴을 이용한 식품첨가물로서의 색소 생산, 의약품의 제조 등에 유용하게 사용될 수 있다.

- <67> 본 발명의 일 실시예에서는 카로티노이드 생합성에 필요한 단백질을 코딩하는 유전자들을 클로닝하기 위하여 파라코커스 해운대시스로부터 게노믹 DNA 라이브러리(genomic DNA library)를 구축하였다. 게노믹 DNA 라이브러리는 당업계에게 공지된 통상의 방법에 따라 구축할 수 있으며, 구체적으로 본 발명에서는 코스미드 벡터(cosmid vector)를 이용하여 게노믹 DNA 라이브러리를 구축하였다.
- <68> 본 발명의 다른 실시예에서는 '색 상보화(color complementation)' 방법을 이용하여 게노믹 DNA 라이브러리로부터 카로티노이드 생합성에 관여하는 유전자들을 클로닝하였다. 카로티노이드를 생산하지 않는 미생물(예: 대장균)은 카로티노이드를 생산하는 미생물(예: 본 발명의 파라코커스 해운대시스)로부터 클로닝된 카로티노이드 생합성 관련 유전자들에 의해 형질전환됨으로써 카로티노이드를 생산할 수 있는 능력을 갖게 된다. 예컨대, *crtE*, *crtB*, *crtI* 및 *crtY* 유전자가 도입된 대장균은 β -카로텐을 생산하고, 이에 따라 세포는 노란색을 띈다. 또한, *crtE*, *crtB*, *crtI*, *crtY*, *crtW* 및 *crtZ* 유전자가 모두 도입된 대장균은 아스타잔틴을 생산하고, 이에 따라 세포는 오렌지색을 띈다. 따라서, 본 발명자들은 파라코커스 해운대시스의 게노믹 DNA 라이브러리를 카로티노이드의 공통된 기질인 FPP(farnesyl pyrophosphate)를 첨가한 배지에서 배양하였다. 그 결과, 오렌지색을 띄는 13개의 콜로니를 선별할 수 있었다. 이후, 각 콜로니로부터 코스미드 벡터를 분리하여 벡터 내부에 삽입된 DNA 단편(insert)의 염기서열을 결정하였다. 그 결과, 가장 작은 크기의 DNA 단편은 6,223 bp의 크기임을 확인하였다. 상기 DNA 단편의 염기서열을 서열번호 1로 기재하였다.
- <69> 본 발명의 또 다른 실시예에서는 카로티노이드를 생산하는 유전자가 존재하는 것으로 추정되는 6,223bp의 DNA 단편의 염기서열을 분석하여 6개의 ORF를 찾아내었다. 이들을 NCBI GenBank 상에서 분석한 결과, 각 ORF로부터 유추되는 아미노산 서열은 FPP로부터 아스타잔틴을

생성하는 반응에 관여하는 6개의 효소들의 아미노산 서열과 매우 높은 상동성을 나타내었다(도 2 내지 도 7 참조). 이 결과로부터 본 발명자들은 본 발명에서 분리한 DNA 단편에 카로티노이드 생합성에 필요한 단백질을 코딩하는 *crt* 유전자가 존재함을 확인할 수 있었다(도 8 참조).

<70> 본 발명의 또 다른 실시예에서는 본 발명에서 분리된 *crt* 유전자를 카로티노이드를 생산하지 않는 대장균에 도입하여 상기 *crt* 유전자에 의해 암호화되는 각 단백질에 의해 대장균에서 카로티노이드가 생산되는지 확인하였다. 이를 위해, *crt* 유전자가 삽입된 재조합 벡터 pCR-XL-TOPO-*crt*full을 제작하였다(도 9 참조). 이후, 상기 재조합 벡터를 대장균에 도입하여 오렌지색을 띄는 형질전환체를 선별하였다. 상기 형질전환체가 아스타잔틴을 생산하는지 확인하기 위하여, 상기 형질전환체를 배양하여 균체를 회수한 후, 메탄올을 첨가하여 4℃에서 하룻밤 동안 배양하였다. 이후, 상등액을 수득하여 190-900nm에서 흡광도를 측정하였다. 그 결과, 도 10에 도시된 바와 같이, β -카로텐과 아스타잔틴의 고유 피크를 확인할 수 있었다. 보다 정확한 분석을 위하여, 상기 상등액의 일부를 취하여 HPLC 분석을 수행하였다. 이 때 표준 물질로는 시그마(Sigma)에서 구입한 β -카로텐과 아스타잔틴을 사용하였다. 그 결과, 본 발명에 따라 분리된 *crt* 유전자가 도입된 형질전환체가 β -카로텐과 아스타잔틴을 생산함을 확인할 수 있었다. 본 발명의 형질전환체에서 생산된 아스타잔틴의 양은 110 $\mu\text{g/g}$ (dry weight)이었다. 이는 아스타잔틴을 생산하는 균주인 파라코커스 해운대시스가 아스타잔틴을 25 $\mu\text{g/g}$ (dry weight) 정도 생산하는 것과 비교할때에 *crt* 유전자를 대장균에 도입함으로써 아스타잔틴을 훨씬 더 대량으로 생산할 수 있음을 나타내는 결과이다.

<71> 이하, 본 발명을 실시예에 의해 상세히 설명한다.

<72> 단, 하기 실시예는 본 발명을 예시하는 것일 뿐, 본 발명의 내용이 하기 실시예에 한정되는 것은 아니다.

<73> <실시예 1> 카로티노이드 생합성 유전자의 클로닝을 위한 게노믹 DNA의 준비

<74> 파라코커스 해운대시스(KCCM-10460)을 PPES-II 배지(트립톤 1 g/ℓ, 박토-소이톤 1 g/ℓ, 펄릭 시트레이트 0.01 g/ℓ, 폴리펩톤 2 g/ℓ 및 염화나트륨 3 g/ℓ)에서 25℃에서 10일간 배양하였다. 이후, 배양액을 13,000 rpm에서 원심분리하여 세포를 수득하였다. 이후, 세포로부터 게노믹 DNA를 분리하기 위해, STE 완충용액(10 mM Tris, 1 mM EDTA, 100 mM NaCl, pH 8.0)에서 세포를 현탁시킨 후, 68℃에서 15분간 반응시켰다. 원심분리하여 세포를 수득한 후, 용액 I(50 mM 글루코스, 25 mM Tris, 10 mM EDTA, pH 8.0)에 재현탁시켰다. 5 mg/ml 라이소자임(lysozyme)과 100 μg/ml RNase A를 첨가하고 1시간 동안 37℃에서 반응시켰다. 그리고 나서, 단백질을 분해효소(Proteinase) K를 250 μg/ml 되도록 첨가한 후, 37℃에서 3시간 동안 다시 반응시켰다. N-라우로일살코신(N-lauroylsarcosine)을 총부피의 1%가 되도록 넣고, 37℃에서 반응시켰다. 이후, 페놀-클로로포름 추출법(phenol-chloroform extraction)에 따라 게노믹 DNA를 분리하였다. 동일 부피의 페놀-클로로포름을 넣어 추출한 뒤 2배 부피의 100% 에탄올을 넣어 게노믹 DNA를 침전시킨 후, 70% 에탄올로 세척하였다. 그리고 나서, TE 완충용액을 첨가하여 65℃에서 완전히 녹인 후, 이후의 실험에 사용하였다.

<75> <실시예 2> 게노믹 DNA 라이브러리(Genomic DNA library) 구축

<76> <2-1> 코스미드 벡터(cosmid vector) 준비

<77> 코스미드 벡터(SuperCos 1 Cosmid Vector, Stratagene) 25 μg 에 *Xba* I(9 U/ μg) 제한효소를 첨가하고, 총 반응액이 200 μl 가 되게 하여 37°C에서 1시간 동안 반응시켜 절단하였다. 이후, 페놀-클로로포름 추출법에 따라 벡터 DNA를 분리한 후, 100% 에탄올로 침전시켰다. *Xba* I으로 절단된 벡터를 탈 인산화(dephosphorylation)시키기 위해 CIAP 효소(Promega)를 첨가하여 37°C에서 30분 동안 반응시켰다. 이후, 다시 페놀-클로로포름 추출법으로 벡터를 분리한 후, 100% 에탄올로 침전시켰다. 상기 분리된 벡터를 다시 *Bam*H I(5 U/ μg)으로 37°C에서 1시간 반응시킨 후, 페놀-클로로포름 추출법으로 분리하고 에탄올로 침전시켰다. 이후, TE 완충용액에 용해시켜 1 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ 가 되도록 하였다.

<78> <2-2> 게노믹 DNA 라이브러리 구축

<79> 상기 실시예 1에서 얻은 파라코커스 해운대시스의 게노믹 DNA 100 μg 에 *Sau*3A I(10 U)을 처리하여 부분적으로 효소 반응시켰다. 반응 종결 후, 0.5 M EDTA를 첨가하였다. 이후, 페놀-클로로포름 추출법으로 게노믹 DNA를 분리한 후, 100% 에탄올로 침전시켰다. 부분 효소 반응된 게노믹 DNA를 TE 완충용액에 용해시키고, 상기 실시예 1과 동일한 방법으로 CIAP 효소를 처리하여 탈 인산화시켰다. 다시 페놀-클로로포름 추출법으로 DNA를 분리한 후, 상기 실시예 <2-1>에서 준비된 코스미드 벡터와 라이게이션(ligation)시키기 위해, T4 라이게이즈(ligase, Promega), 10 \times 라이게이즈 완충용액(Promega)을 넣고 12°C에서 18시간 동안 반응시켰다. 반응 후 상기 라이게이션 혼합액(liation mixture)을 대장균인 XL1-Blue(Stratagene)에 형질도입하여 게노믹 DNA 라이브러리를 제작하였다.

<80> <실시예 3> 색소 생성 유전자를 함유하는 형질도입 균주의 탐색 및 분석

<81> LB agr 배지에 카로티노이드 계통의 공통된 기질 중의 하나인 FPP(Sigma)를 1%가 되도록 첨가한 후, 상기 실시예 2에서 제조된 게노믹 라이브러리를 상기 플레이트에 도말하여 37℃에서 배양하였다. 배양된 콜로니 중에서 오렌지색을 띄는 13개의 콜로니를 선별하였다(약 2000개 중 13개). 상기 선별된 13개의 콜로니로부터 코스미드 벡터를 분리하였다. 이후, 프라이머 워킹 시퀀싱(primer walking sequencing)을 수행하여 각 코스미드 벡터에 삽입된 DNA 단편의 염기서열을 결정하였다. 이 때 염기서열의 결정은 (주)제노텍에 의뢰하여 수행하였다.

<82> 그 결과, 코스미드 벡터에 삽입된 DNA 단편 중에서 가장 작은 크기의 DNA 단편은 6,223 bp이었으며, 서열번호 1로 기재되는 염기서열을 가졌다. 이에 상기 서열번호 1로 기재되는 염기서열을 단편으로 포함하고 있는 코스미드 벡터를 'COSCRT'라 명명하였다.

<83> <실시예 4> 카로티노이드 생합성 관련 유전자를 포함하는 DNA 단편의 서열 분석

<84> 상기 실시예 3에서 얻은 DNA 단편의 서열을 NCBI ORF Finder 프로그램(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html>)을 사용하여 ORF를 분석하였다.

<85> 그 결과, 상기 실시예 3에서 얻은 DNA 단편에는 6개의 ORF가 포함되어 있었다. 각 ORF는 β -카로텐 케토레이즈(β -carotene ketolase)를 코딩하는 *crtH*, β -카로텐 하이드록실레이즈(β -carotene hydroxylase)를 코딩하는 *crtZ*, 리코펜 싸이클레이즈(licopen cyclase)를 코딩하는 *crtY*, 피토엔 디세투레이즈(phytoenedesaturase)를 코딩하는 *crtI*, 피토엔 신테이즈(phytoene synthase)를 코딩하는 *crtB* 및 제라닐제라닐 피로포스페이트 신테이즈

(geranylgeranyl pyrophosphate synthase)를 코딩하는 *crtE*의 염기서열과 높은 상동성을 나타내었다. 상기 효소들은 모두 카로티노이드 생합성에 관여하는 효소들이다.

<86> 또한, 각 ORF로부터 유추되는 아미노산 서열과 알칼리제네스 속(*Alcaligenes* sp.)(Misawa *et al.*, *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 209(3): 867-876, 1995), 브라디리조비움 속(*Bradyrhizobium* sp.)(Hannibal *et al.*, *J. Bacteriol.*, 182(13): 3850-3853, 2000) 및 플라보박테리움 속(*Flavobacterium* sp.)(Pasamotes *et al.*, *Gene*, 185(1): 35-41, 1997)에서 분리된 각 카로티노이드 생합성 효소들의 아미노산 서열과의 상동성 비교 결과를 도 2 내지 도 7에 나타내었다. 이에, 본 발명에서 클로닝된 6개 ORF 유전자의 염기서열 및 이로부터 유추되는 아미노산 서열을 서열번호 2 내지 13으로 각각 기재하였다. 즉, *crtW*, *crtZ*, *crtY*, *crtI* 및 *crtB*의 유전자는 각각 서열번호 2, 서열번호 4, 서열번호 6, 서열번호 8, 서열번호 10 및 서열번호 12이며, 상기 유전자 각각의 아미노산 서열은 서열번호 3, 서열번호 5, 서열번호 7, 서열번호 9, 서열번호 11 및 서열번호 13이다.

<87> 상기 결과로부터 상기 코스미드 벡터에 삽입된 DNA 단편에 카로티노이드 생합성에 관여하는 *crt* 유전자가 존재함을 확인할 수 있었다.

<88> 본 발명의 *crt* 유전자의 구성을 도 8에 도시하였다. 도 8에 도시된 바와 같이, 각 *crtW*, *crtZ*, *crtY*, *crtI* 및 *crtB*는 종결 코돈과 시작 코돈이 중첩되고 있음을 볼 수 있다. 특히, *crtE* 유전자는 상보적 가닥의 방향성을 가지는 것을 볼 수 있으며, 서열 내에 *KpnI*, *XmaI*, *SmaI*, *Clal*, *HindIII* 및 *BamHI* 인식 서열이 하나씩 존재함을 볼 수 있다.

<89> <실시예 5> 대장균에서의 *crt* 유전자의 발현 실험

<90> 본 발명자들은 상기 실시예 3에서 분리한 파라코커스 해운대시스의 *crt* 유전자로부터 발현된 단백질들에 의해 카로티노이드가 생성되는지 확인하기 위하여, 먼저, 상기 *crt* 유전자를 HL프리믹스(HLpremix, Bioneer)를 이용하여 PCR로 증폭하였다. 이 때 프라이머로는 서열번호 14 및 15로 기재되는 올리고뉴클레오타이드를 사용하였다. 또한, PCR은 94℃에서 5분 동안 주형 DNA를 전변성화시킨 후, 68℃에서 1분, 72℃에서 6분 한 후 94℃에서 30초, 66℃에서 30초 및 72℃에서 6분을 한 사이클(cycle)로 하여 총 25 회 반복수행한 다음, 마지막으로 72℃에서 20 분 동안 반응시켜 수행하였다 이후, PCR 산물을 Topo-XL-vector(invitrogen)에 삽입한 후, 이를 대장균에 형질도입하였다. 이 때 대장균으로는 XL1-Blue(Stratagene), TOP0(Invitrogen), BL21(DE3) 코돈 플러스(Stratagene), DH1(Takara) 및 DH5 α(Takara)를 사용하였다. 그 결과, BL21(DE3), XL1-Blue, BL21(DE3) 코돈 플러스 형질전환체들이 오렌지색을 띄는 것을 확인할 수 있었다. 이후, 각 대장균에 대하여 형질전환체 하나씩을 선발하여 배양한 결과, 형질전환된 BL21(DE3) 코돈 플러스가 가장 많은 아스타잔틴을 생산해 내는 것을 확인할 수 있었다.

<91> 이후, 본 발명자들은 상기 실시예 3에서 분리한 서열번호 1로 기재되는 염기서열을 가지는 *crt* 유전자를 유전자 발현용 벡터인 pCR-XL-TOPO 벡터(Invitrogen)에 삽입하여 이를 'pCR-XL-TOPO-crtfull'이라 명명하였다(도 9). 이후, 상기 pCR-XL-TOPO-crtfull 벡터를 BL21(DE3) 코돈 플러스 세포에 형질도입시킨 후, 오렌지색을 띄는 균주를 선별하였다. 선별된 균주를 50 ml LB 배지에서 37℃, 8시간 동안 배양하였다. 이후, 배양액을 13,000 rpm에서 원심분리하여 상등액을 버리고, 균체를 회수하였다. 회수된 균체에 메탄올 20 ml를 첨가하여 볼텍싱(vortexing)한 후, 4℃에서 하룻밤 동안 배양하였다. 이후, 13,000 rpm으로 원심분리한 후, 상등액을 수득하였다. 카로티노이드의 생성 유무를 확인하기 위하여, 190-900 nm의 파장

및 400-550 nm의 파장으로 상기 상등액의 흡광도를 스캐닝하였다. 그 결과, 450 nm와 470 nm에서 피크(peak)를 확인하였으며, 이것이 β -카로텐과 아스타잔틴의 고유 피크임을 확인하였다(도 10).

<92> 보다 정확한 분석을 위해, 상기 상등액 1 ml를 취하여 직경 0.45 μ m의 필터로 여과한 후, HPLC 분석(column: 4.6 \times 50mm, uBondapak C18, Waters, Milford, MA; mobile phase: acetonitrile-methanol-water(49:44:7 v/v), Flow: 10ml/min, Detector: 470nm)을 수행하였다. 이 때 표준물질로는 시그마(Sigma)에서 구입한 β -카로텐과 아스타잔틴을 사용하였다. 그 결과, 본 발명의 균주로부터 생산된 물질이 아스타잔틴과 β -카로텐임을 확인할 수 있었다.

<93> 또한, 본 발명의 균주로부터 생산된 아스타잔틴의 양을 측정한 결과, 110 μ g/g(dry weight)으로 확인되었다. 이상의 결과는 어떤 유도제나 카로티노이드 기질을 첨가하지 않은 상태에서의 결과로서 본 발명에서 분리한 6,223 bp의 염기서열만으로 대장균에서 β -카로텐과 아스타잔틴을 대량으로 생산할 수 있음을 알 수 있다. 이는 아스타잔틴을 생산하는 파라코커스 해운대시스(기탁번호:KCCM-10460)가 25 μ g/g의 아스타잔틴을 생산하는 것에 비해 훨씬 많은 양임을 알 수 있다.

【발명의 효과】

<94> 상기에서 살펴본 바와 같이, 본 발명에서는 아스타잔틴을 생산하는 파라코커스 해운대시스로부터 카로티노이드 생합성에 필요한 단백질을 코딩하는 6개의 유전자 및 이를 포함하는

crt 유전자를 클로닝하였다. 또한, 상기 *crt* 유전자를 이용하여 카로티노이드를 생산하지 않는 대장균에서 카로티노이드를 생산할 수 있음을 규명하였다. 본 발명의 유전자 및 이를 포함하는 *crt* 유전자는 β -카로텐, 아스타잔틴과 같은 카로티노이드의 생산에 매우 유용하게 사용될 수 있다.

【특허청구범위】**【청구항 1】**

카로티노이드 생합성에 필요한 단백질을 코딩하는 서열번호 2, 서열번호 4, 서열번호 6, 서열번호 8, 서열번호 10 및 서열번호 12로 기재되는 염기서열로 구성된 군으로부터 선택되는 것을 특징으로 하는 유전자.

【청구항 2】

제 1항에 있어서, β -카로텐 케토티아제(β -carotene ketolase)를 코딩하는 *crtW* 유전자의 염기서열인 것을 특징으로 하는 서열번호 2로 기재되는 유전자.

【청구항 3】

제 1항에 있어서, β -카로텐 하이드록실라아제(β -carotene hydroxylase)를 코딩하는 *crtZ* 유전자의 염기서열인 것을 특징으로 하는 서열번호 4로 기재되는 유전자.

【청구항 4】

제 1항에 있어서, 리코펜 사이클라아제(licopen cyclase)를 코딩하는 *crtY* 유전자의 염기서열인 것을 특징으로 하는 서열번호 6으로 기재되는 유전자.

【청구항 5】

제 1항에 있어서, 피토엔 디세튜레이즈(phytoene desaturase)를 코딩하는 *crtI* 유전자의 염기서열인 것을 특징으로 하는 서열번호 8로 기재되는 유전자.

【청구항 6】

제 1항에 있어서, 피토엔 신테이즈(phytoene synthase)를 코딩하는 *crtB* 유전자의 염기서열인 것을 특징으로 하는 서열번호 10으로 기재되는 유전자.

【청구항 7】

제 1항에 있어서, 제라닐제라닐 피로포스페이트 신테이즈(geranylgeranyl pyrophosphate synthase)를 코딩하는 *crtE* 유전자의 염기서열인 것을 특징으로 하는 서열번호 12로 기재되는 유전자.

【청구항 8】

제 2항 내지 제 7항의 유전자를 모두 포함하는 서열번호 1로 기재되는 염기서열을 갖는 것을 특징으로 하는 *crt* 유전자.

【청구항 9】

제 8항의 *crt* 유전자를 포함하는 재조합 벡터.

【청구항 10】

제 9항에 있어서, 도 9에 도시된 개열지도를 갖는 것을 특징으로 하는 pCR-XL-TOPO-crtfull 재조합 벡터.

【청구항 11】

제 10항의 재조합 벡터를 형질도입한 대장균 형질전환체.

【청구항 12】

- 1) 제 8항의 *crt* 유전자를 클로닝하는 단계;
- 2) 단계 1의 *crt* 유전자를 포함하는 재조합 벡터를 제조하는 단계;
- 3) 단계 2의 재조합 벡터를 숙주세포에 형질도입하는 단계;
- 4) 단계 3의 형질도입된 균주를 배양하여 그 배양액으로부터 카로티노이드를 회수하는 단계인 것을 특징으로 하는 카로티노이드를 생산하는 방법.

【청구항 13】

제 12항에 있어서, 상기 재조합 벡터는 제 10항의 재조합 벡터인 것을 특징으로 하는 방법.

【청구항 14】

제 12항에 있어서, 상기 숙주세포는 대장균 또는 효모인 것을 특징으로 하는 방법.

【청구항 15】

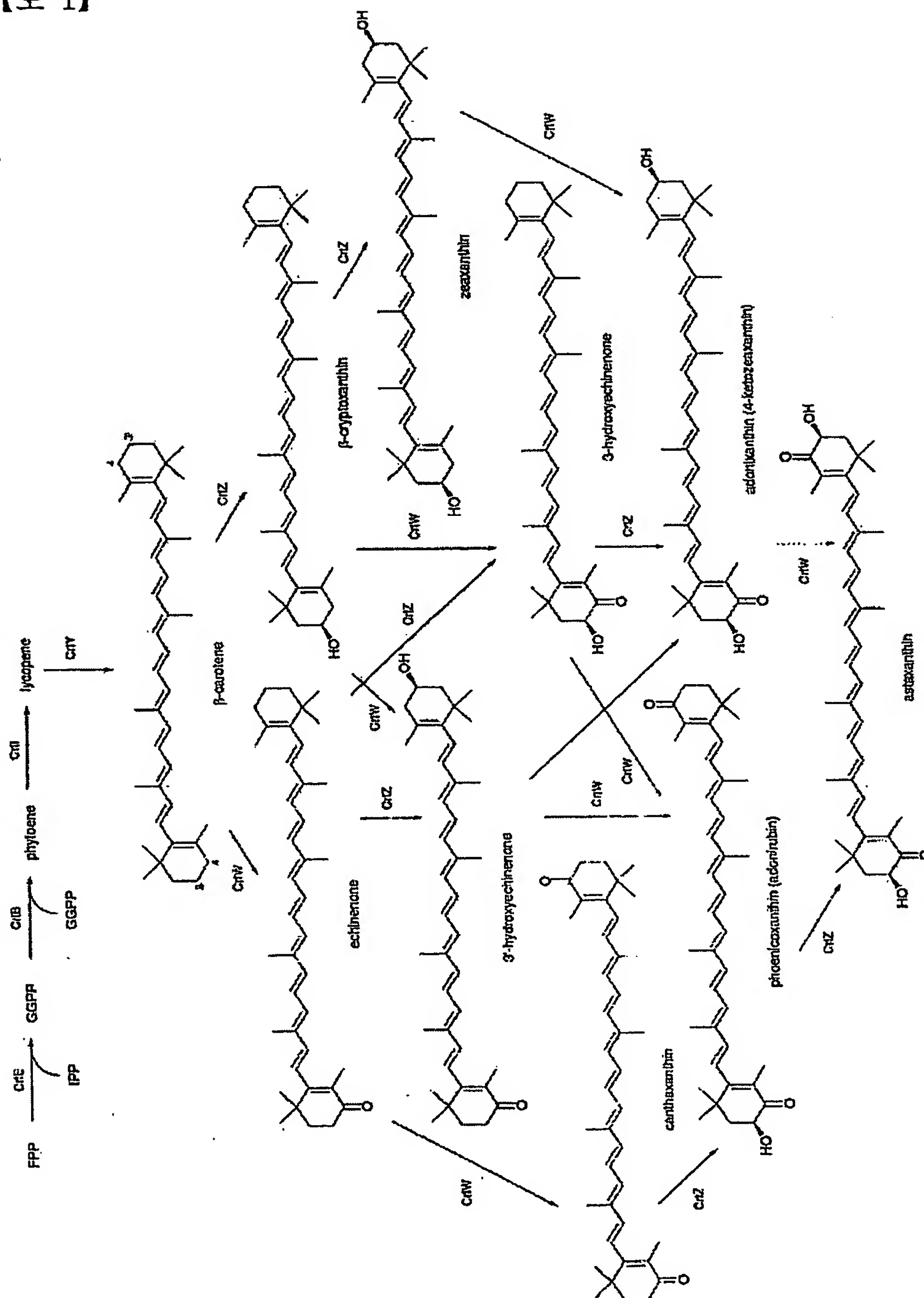
제 12항에 있어서, 제 11항의 대장균을 배양하여 그 배양액으로부터 카로티노이드를 회수하는 것을 특징으로 하는 방법.

【청구항 16】

제 12항에 있어서, 상기 카로티노이드는 β -카로텐 또는 아스타잔틴인 것을 특징으로 하는 방법.

【도면】

【도 1】



【도 2】

	1	100
P. haeundaesis	(1) -----NSABALPRADLTATSLIVSGGIIAAVLALHVALVFLDAAAHPI LAIANFLGLT-WLSVGLPFIANDAHG3VVEGRPRGNAANGOLVLE	
Alcaligenes_sp	(1) -----NSGRKPOTGDTIVNLGLTAAILLCVVLHBAFTLULDAAABPLAVLCLAGLT-WLSVGLFIIANDAHG3VVEGRPRANAANGOLALV	
Bradyrhizobium_sp	(1) HBAATAKATEFGASERDDARQRRYGLTAAVITAAVLVHVLHFFUPLTLHSLPALPLVVLQTSLYVGLFIIANDAHG3LYPFKPQVNRIGQLCLF	
Consensus	(1) KSA K A T V L LSAATIAAVLVLHY LWFDAABPLAIL LLGLT WLSVGLFIIANDAHG3VVEGRPRANAANGQL LV	
	101	200
P. haeundaesis	(90) LYAGFSVRKHIVKHAHRHTGTDDDPDFDGG--GPVRWYARFIGTTFGWRBEGLLLPVI VTYALILGD-RWNYVVFVPLPSILASIQLFVFGTVLPHE	
Alcaligenes_sp	(90) LYAGFSVPLIAKHMT HBSHAGTDNDPDFDGG--GPVRWYGSFVSTYFGWRBEGLLLPVI VTYALILGD-RWNYVVFVPPAVLASIQIFVFGTVLPHE	
Bradyrhizobium_sp	(101) LYAGFSFDALNVEHKKHKBPTAEDVDFDEVPPHGFVHWFASFFLHYFSGKQVATIAAVSLVYQLVFAVPLQNILLFVALPGLSALQLFTFVYLPHE	
Consensus	(101) LYAGFSV KLIVKHM HHRB GTDDDPDFDGG GPVRWYASFI TYFGWRBEGLLLPVI VTYALILGD RWNYVVFVPLPAILASIQLFVFGTVLPHE	
	201	259
P. haeundaesis	(186) PGHDAPPDRHNAESSRISDPVSLTLCFHFGGYHHEHHLHPTVPWRPSTRTKGDTA--	
Alcaligenes_sp	(186) PGHDDFPDRHNAESTIGIDPLGLTLCFHFGGYHHEHHLHPVPPWRPSTRTKTDGRA--	
Bradyrhizobium_sp	(201) PATQPPADRHNARTSEFPALSLTLCFHFQ-FHHEHHLHPDAPWRPSTRTKBALEERD	
Consensus	(201) PGHD FPDHNAESS I DPLSLTLCFHFGGYHHEHHLHP VPWRPSTRTKKG A	

【도 3】

	1	100
P. haeundaesis	(1) HTNFLIVVATVLYHETAYSVHRVINEHGLGQVGRKSHHEHDBALEKNDLYQLVFAVIATVLFYGVWAPVLEWIALGHTV7GLIYFVLH3LVHQRW	
Alcaligenes_sp	(1) HTQFLIVVATVLYHETAYSVHSVINBGLGQVGRKSHHEHDBALEKNDLYGVVFAVLAITLFTVQAYVWPVLEWIALGHTV7GLIYFVLH3LVHQRW	
Consensus	(1) HTNFLIVVATVLYHETAYSVHRVINEHGLGQVGRKSHHEHDBALEKNDLYQLVFAVIATLFTVQ W PVLWIALGHTV7GLIYFVLH3LVHQRW	
	101	163
P. haeundaesis	(101) PFRYIPRKGVARRLYQAHRLHHAVERGRDHCVSFGFIYAPPVDEKLDKDLTSQVLRBAQERT	
Alcaligenes_sp	(101) PFRYIPRKYFRRLYQAHRLHHAVERGRDHCVSFGFIYAPPVDEKLDKDLTSQVLRBAQERT	
Consensus	(101) PFRYIPRKG VARLYQAHRLHHAVERGRDHCVSFGFIYAPPVDEKLDKDLTSQVLR S	

【도 4】

	1	100
P. haeundaesis	(1) VTHDVLLAGAGLANGLIALALRAAPDLEVLDDHAGPSDQHTWCHDPLSPHWRLEPLRANWPDQVFRPRHARLATGYGSLDGAALADAYAR	
Flavobacterium_sp	(1) MSHULLIAGAGLSGALTALAVDRBDPAKIVHLDARSQPSDQHTWCHDPLSPHWRLEPLRANWPDQVFRPRHARLATGYGSLDGAALADAYAR	
Consensus	(1) MSHULLIAGAGLA ALIALALR RPD RILLDD AGPSD HTWCHD PLSP WLEPL RIRBA W DQEV FP HARRL TGYGSIDAAAL L	
	101	200
P. haeundaesis	(101) SGAEIRWMSDIALLDQ3ATLSQGTREBAGAVLDGRQAPSRHLTVGFQKFFVGVETETDCPHGVPRPHINDATVTTQDDJVRFTYLLFF3ETELIEDTRY	
Flavobacterium_sp	(100) -GVDLRWNTBVAITLDDTGATLTDSRIEAAACVIDABGAVETPHLYGFQKFFVGVETETDAPHGVPRPHINDATVTPQMDGYKFIYLLPFSPTILIEDTRY	
Consensus	(101) G DIRWNS IA LDD GATLS GSRIEAA VIDARGA S HLYGFQKFFVGVETETD PHGV RPHINDATV Q DGYRFIYLLPFSPTILIEDTRY	
	201	300
P. haeundaesis	(201) SDGGHLLDDALAAASHDYARQQ3TGAERYRREBGLIYALANDAA3FADHAGPVPYVGLRAGCFHPVYVTSIPYAAQVADVVAGLSGPPGT DALOGAIK	
Flavobacterium_sp	(199) SDGGHLLDDALAAQASLDYAAERGVTGQHRERERGLIYALANDAA3FADHAGPVPYVGLRAGCFHPVYVTSIPYAAQVADVVAGLSGPPGT DALOGAIK	
Consensus	(201) SDGG LDD ALA AS DYA GVTG EHRREBGLIYALANDAA GFV DHA G VPVGL AG FHPVYVTSIPYAAQVAD IAA T A R AIR	
	301	397
P. haeundaesis	(301) DYADRARRDKFLRLNHLFRGCPDRBYTLQRFVEMPHGLIERFYAGRLSVADQLRIVTKPPIPLGTAIRCLPERFLLENA	
Flavobacterium_sp	(297) GWATDSADRDRLFLRLNHLFRGCPDRBYTLQRFVEMPHGLIERFYAGRLSVADQLRIVTKPPIPLGTAIRCLPERFLLENA	
Consensus	(301) VADRRA DRFLRLNHLFRGC PDRBY TLQRFVRLP LIERFYAGRLSVADQLRIVTKPPIPL AIRCLPERPL E A	

【도 5】

	1	100
P. haeundaesis	(1) NNAHSPAAXT XI VIGAGFGGLALALBLSAQI AT ILVEARDKPGGSAFVWHDOGHVFDASPT VITDPDALKELVALTQQDHARDVT LNPVSPFFRLNTPG	
Flavobacterium_sp	(1) -----HSSALVIGAGFGGLALALBLSAQI ATTI VEARDKPGGSAFVWHDOGHVFDASPT VITDPDSLRELVALSQGPHERDVTLLPVSPFFRLTVAD	
Consensus	(1) S I VIGAGFGGLALALBLSAQI ATTI VEARDKPGGSAFVWH DOGHVFDASPT VITDPDALKELVALSQ M RDVTLLPVSPFFRL V	
	101	200
P. haeundaesis	(101) GKVPDYVHEADQLEBQIAQFNPDDLEGEYERFDYAEVYQDAVYKLGIT VPFLKQQLKAAAPALHKLKAYKSVHAKVATFIKDPVYLBQAFSYHTLLVQGD	
Flavobacterium_sp	(94) GRSFEYVNDDELIEQVASFNPADVDGYERFDYAEVYQDAVYKLGIT VPFLKQQLKAAAPALHKLQAYKSVHSHVAFIQDPHLEQAFSFTLLVQGN	
Consensus	(101) GK EDYVND D L BQIA FNP DLDGYRRP DYAEVY EGYKLGIT PFLKQQL AAPALEKL AYKSVHA VA FI DPHEBQAFSFTLLVQGN	
	201	300
P. haeundaesis	(201) PFETSSYIALIHLEBRGGVWFAGGYNQLVAGHVALFERLGGQHHLNAKVAKIET PGARTTGVTALGSELKADNVASNGDVEHNTVLLJHTARGQSR	
Flavobacterium_sp	(194) PFETSEIYALIHLEBRGGVWFAGGYNQLVAGHVALFERLGGTLLLNARVTRIDTEGDRATGVTLLDGEQLRATVASHGQVNESYRDLGHTREGRTK	
Consensus	(201) PFETSSYIALIHLEBRGGVWFAGGYNQLVAGHVALFERLGG LLLNAKV RIDTEG R TGVTL DGR LRAD VASNGQVNE YRDLGHT RG SK	
	301	400
P. haeundaesis	(301) AKSLDRKKWSMSLFLHFGLEAPKDIAHNTILFGPRYRELYNEIFKQPKLAEDFSLYLRSPCTTDFDHAPPQNSTHYVLAPVPHLAKAKIDWAVEGPRY	
Flavobacterium_sp	(294) AAILNBQKWSMSLFLHFGLSKRPENLANHNVIFGPRYKQLVHEITPNGIFBLPDDFSNYLRSPCVTDPSLAPEGHSTHYVLAPVPHLGRADVDWEAEAPGY	
Consensus	(301) A L R RVSMSLFLHFG L P IAHNSIIFGPRYK LVNEIF GPKL DDFSLYLRSPC TDP LAP GHSTHYVLAPVPHLGRADIDU BAP Y	
	401	500
P. haeundaesis	(401) ADRIASLEERLIPNLEANTITRIFTFDFASLNAHGSAPSVETPLTQS ANFRPENRDRITRNFYLVGAGTEPGAGIPGVVGS AKAT AQVHLSDLA	
Flavobacterium_sp	(394) AERI FEELERBAIPDLKHLTVSKIFSPADFSTELS AHEGSAPSVETPLTQS ANFRPENRDRAPNFYTVGAGTEPGAGIPGVVGS AKAT AQVHLSDLA	
Consensus	(401) ADRI LE R IP LR LT SRIFSPADFASL AHEGSAPSVETPLTQSAWFRPBNRDX I NFYTVGAGTEPGAGIPGVVGS AKAT AQVHLSDLA	
	501	
P. haeundaesis	(501) A	

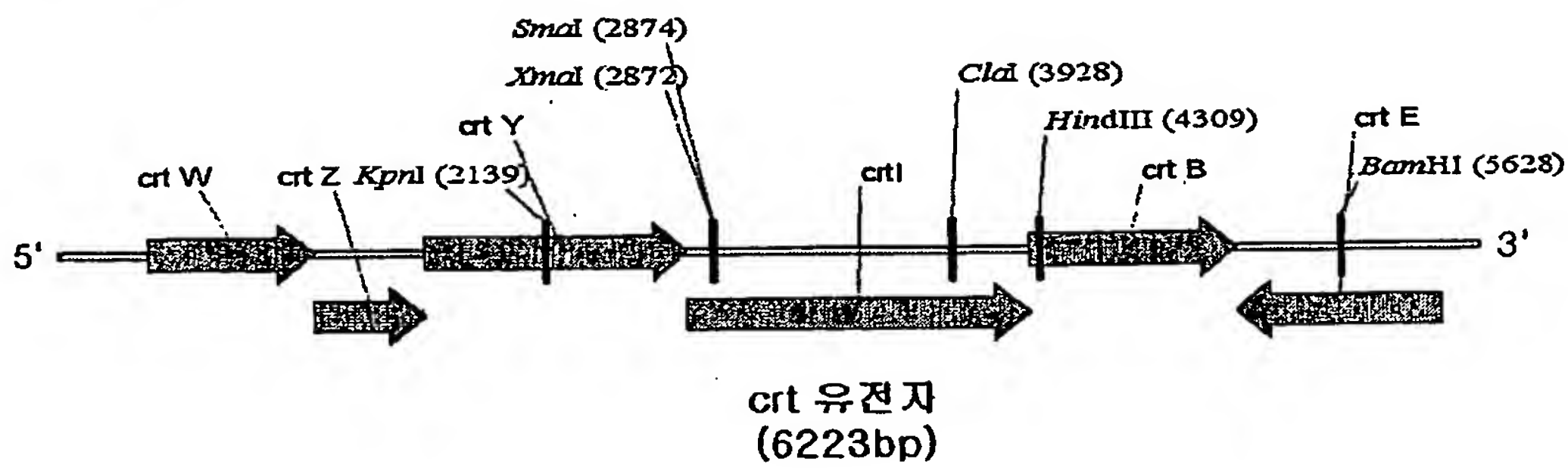
【도 6】

	1	100
P. haeundaesis	(1) HSDLVLISTEAITQGSQSFATAAKLHFGIRDDTYHLYAWCHHADDVIDGQALQSRPEAVNDPQARLDGLRVDYLAALQGDGPVT PFFAALBAVABHDF	
Flavobacterium_sp	(1) HTDLTATEAAI MQSCSFAQAALHPPHIBEDTVHLYAWCHHADDVIDGQVMSAPEAGDPQARLGLNADT LAALHEGQPSFPFAALEQVAREHDF	
Consensus	(1) HSDL TS AI QGSQSPA AAKLHPPGIRDDTYHLYAWCHHADDVIDGQ LGS PEA DPQARL ALR DTLAAL DQPSPPFAALR VARREDF	
	101	200
P. haeundaesis	(101) IQAFPMILIEGFANDVEARDYETLDDVLEYCYHVAIVGVHNASVNGVRDDPVLDRACDLGLAFQLTHIARDVIDDARIGBCYLPQDWLDQAGRIDGPV	
Flavobacterium_sp	(101) PDLWPHLLIEGFANDVADREYRSLDDVLEYSYHVAIVGVHNAHVHGVQDAVLDRACDLGLAFQLTHIARDVIDDAAIGBCYLPADFLAEAGATVEGPV	
Consensus	(101) P WPHDLIEGFANDV RDTRELDVLEYSYHVAIVGVHNAHVHGV DD VLDRACDLGLAFQLTHIARDVIDDA IGBCYLPADUL AGA IDGPV	
	201	300
P. haeundaesis	(201) ISPELYTVILRLDEAEPPYVAEAKVGLADLPFCAWSIAAALRIYRAIGLRIEKSJQAYEQKIETSKAAKIGLLQVVGUDVARSKLPAGVSEQ3LWTR	
Flavobacterium_sp	(201) EDALYSVIIELDAEPPYVASAKQGLPPLPFCAWSIAAALRIYRAIGTRI EQGPEAYEQRIETSKAAKIGLLARGLDAAASRLRGGEICRDGLWTR	
Consensus	(201) PS LYSVIIRLD AEPYVASAR GL LPFCAWSIAAALRIYRAIG RIR GP AYBQRIETSKAAKIGLLA GG D A SRL GA ISR GLWTR	
	301	
P. haeundaesis	(301) PHHY	
Flavobacterium_sp	(301) PRA-	
Consensus	(301) P	

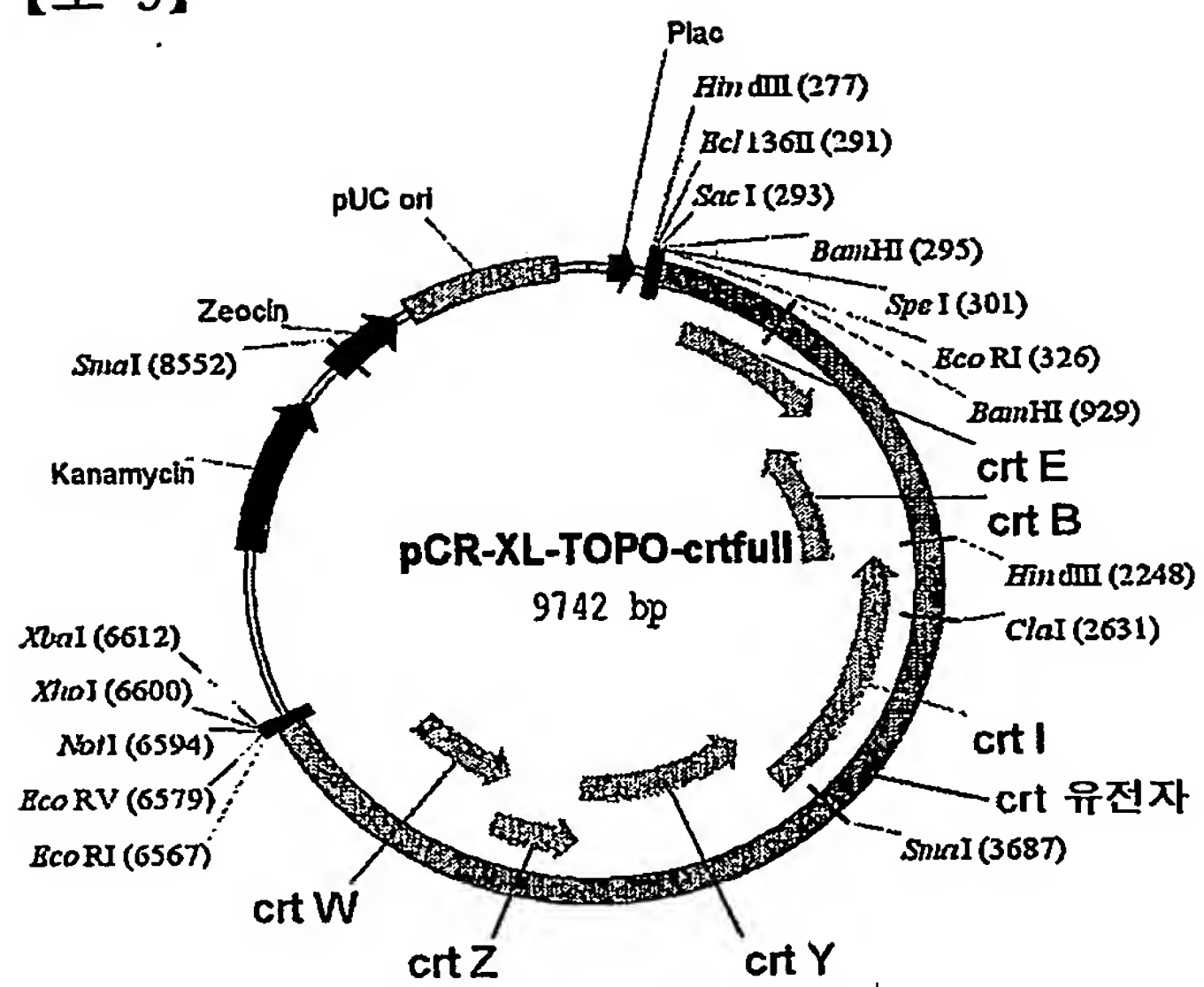
【도 7】

	1	100
P. haeundaesis	(1) HERDVNPIHATLLQTLREETACGGFAYCQPLGAHSHGALCSGRBFGRNHLHLLAAHSGGVCDTI VDAACAVENVHAASLI FDDLPCDDAGLRGRPAT	
Flavobacterium_sp	(1) HTPHQFFPLRDLVEIRLAQISGGFGVYSAPLGAHSHDAALCPGRFRAVLNLNVASSGGVCDAHVDAACAVENVHAASLI FDDMTCHDDARTRBIQPAT	
Consensus	(1) H N LL RL IA FG VS PLGAHMS AALS GKRFRAMLHL ABASGGVCD IVDAACAVENVHAASLI FDDLPCDDA RRG PAT	
	101	200
P. haeundaesis	(101) HVAHGESKAVLGIT ALITEAHALLAGAEASGTVKAQVRIELERSLTPQQLMTPQLDLHAARKAGAGVEEQDLKTGVLFIAQLFNLAVIDKEFDAEEQTQ	
Flavobacterium_sp	(101) GVAHGEGRVLAHIALITEAHRLGEAKGATPDQBARLVASMSKAMGPVGLCAQQLDLHAPKDAAGTEREODLETGYLFVAGLEHLSITKGLDHAETEO	
Consensus	(101) HVAHGE BAVLAGIALITEAH ILA ARGAS RA LV LSRALEP GLCAGQDLDLHA K AAGIE EQDLKTGVLFIAGLEHLSITK D E Q	
	201	295
P. haeundaesis	(201) HIDFQQLGRVFGSYDMLLVVQDQAALUKDTGBDAAAPGFRGILLAVSDLQNVSRHYEASLQOLDAMLRSERLQAPETIAALLERVLPYAAAP--	
Flavobacterium_sp	(201) LNAFGRQLGVFGSYDMLLVVQDQAALUKDTGBDAAAPGFRGILLAVSDLQNVSRHYEASLQOLDAMLRSERLQAPETIAALLERVLPYAAAP--	
Consensus	(201) LI FGRQLGRVFGSYDMLLVVQD AA GEDTARD AAPGK GLLA V L VA HY ASRAQLD LLRSK A IA LL BVLPH B	

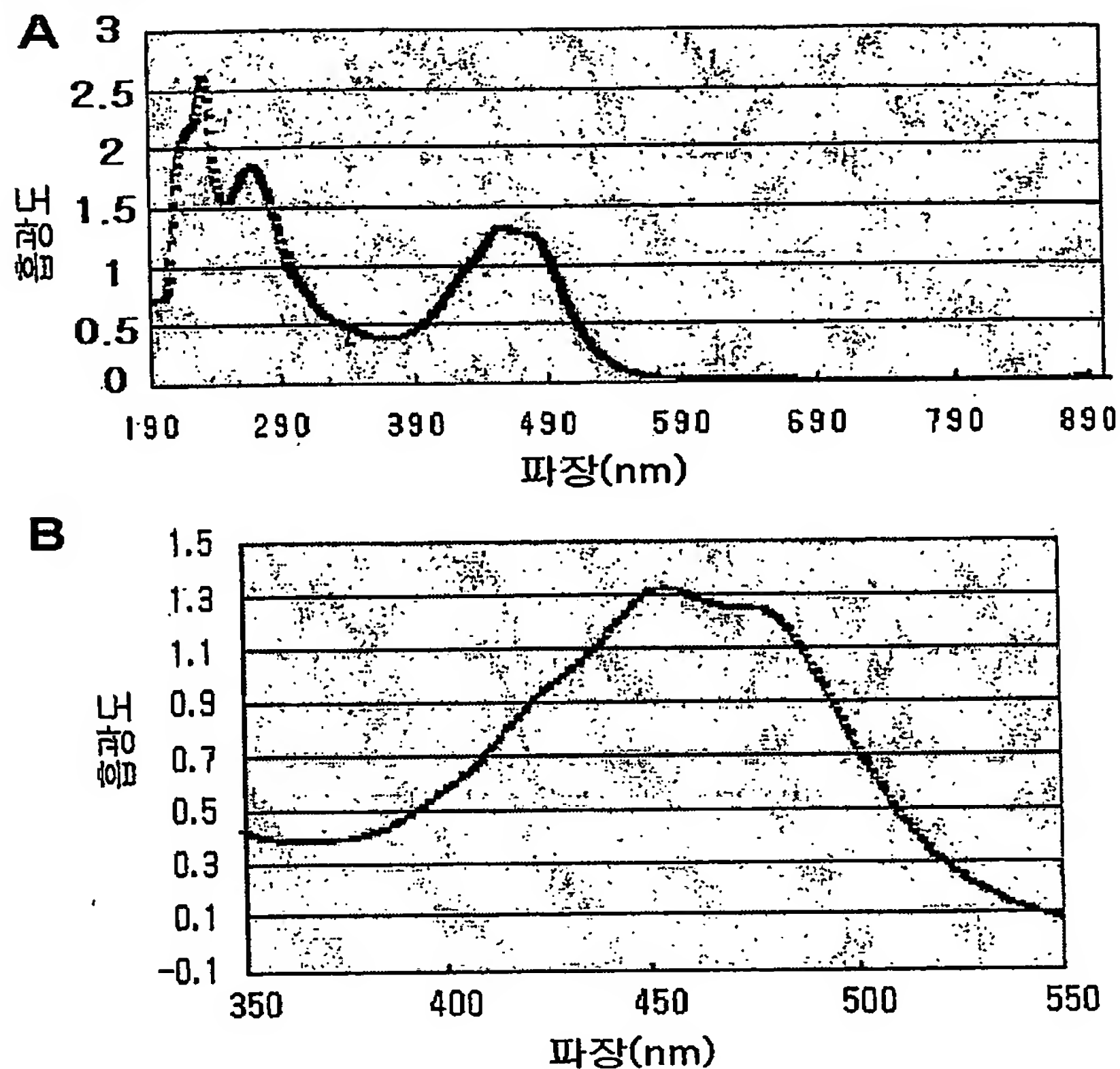
【도 8】



【도 9】



【도 10】



【서열목록】

<110> KIM, Young Tae LEE, Jae Hyung ALGENETECH <120> Genes involved in the
 biosynthesis of carotenoids <130> 3p-01-31 <160> 15 <170> KopatentIn 1.71 <210> 1 <211>
 6223 <212> DNA <213> crt gene <400> 1 gttccacgac tggggcatcc ccacgaccgc gtcgctgcgc gccatcgcgc
 cgatgatggg 60 gccggaccgg gttctggctg ggtcgggcgg ggtgcgtcac gggctggacg ccgcgcgggc 120
 catccgcctc ggcgcgacc tcgtggggca ggcgggccgc gcgctgcccg ccgcgcgcca 180 cagcgccgag gccctgtccg
 atcacctgtc cgacgtcgtg acccagctgc gcatcgcat 240 gttctgcacc ggatcgggcg acctgcagc gctgcgctgc
 gcgcctctgc tggtgccggg 300 gccgggtggc caatggctgc aagcaacggg gatggaaacc ggcatgcgg gactgtagtc
 360 tgcgcggatc gccggtccgg gggacaagat gagcgacat gccctgcca aggcagatct 420 gaccgccacc agcctgatcg
 tctcgggcgg catcatcgcc gcgtggctgg ccctgcatgt 480 gcatgcgctg tggtttctgg acgcggcggc gcatcccatc
 ctggcgatcg cgaatttcct 540 ggggctgacc tggctgtcgg tcggtctgtt cticacgcgc catgacgcga tgcacgggtc
 600 ggtcgtgccg gggcgtccgc gcggcaatgc ggcatgggc cagctgggtcc tgtggctgta 660 tgccggattt tcgtggcgca

agatgatcgt caagcacatg gcccatcacc gccataccgg 720 aaccgacgac gaccccgatt tcgaccatgg cggcccggtc
cgctggtagc cgcgcttcat 780 cggcacctat ttcggctggc gcgaggggct gctgctgccc gtcacgtga cggctctatgc
840 gctgatcctg ggggatcgct ggatgtacgt ggtcttctgg ccgctgccgt cgatcctggc 900 gtcgatccag ctgttcgtgt
tcggcacctg gctgccgcac cgccccggcc acgacgcgtt 960 cccggaccgc cataatgcgc ggtcgtcgcg gatcagcgac
cccgtgctgc tgcagacctg 1020 ctttcacitt ggtggttatc atcacgaaca ccacctgcac ccgacggcgc cttgggtggcg
1080 cctgcccagc accgcacca agggggacac cgcatgacca atttctgat cgtcgtcgcc 1140 accgtgctgg tgatggagtt
gacggcctat tccgtccacc gttggatcat gcacggcccc 1200 ctgggctggg gctggcaca gtcccaccac gaggaacacg
accacgcgct ggaaaagaac 1260 gacctgtacg gcctggcttt tgcggtgatc gccacggcgc tgttcacggt gggctggatc
1320 tgggcgcggg tctgtggtg gatcgctttg ggcatgaccg tctatgggct gatctatttc 1380 gtcctgcatg acgggctggt
tcacacgcgc tggccgttcc gctatatccc gcgcaagggc 1440 tatgcccgc gcctgtatca ggcccaccgc ctgcaccacg
cggtcgaggg acgcgacct 1500 tgcgtcagct tcggcttcat ctatgcgccg ccggtcgaca agctgaagca ggacctgaag
1560 acgtcgggcg tgctgcgggc cgagggcgag gagcgcacgt gacccatgac gtgctgctgg 1620 caggggcggg ccttgcgaac
gggctgatcg ccttggcgct gcgcgcggcg cggcccgacc 1680 tgcgggtgct gctgctggat catgcggcgg gaccgtcaga
cggccatacc tggctcctgcc 1740 acgaccccga tctgtcgccg cactggctgg cgcggtgaa gccctgcgc cgcgccaact
1800 ggcccagca ggaggtgcgc ttccccgcc atgcccggcg gctggccacc gggttacgggt 1860 cgctggacgg ggcggcgctg
gcggatgcgg tggcccggtc gggcgccgag atccgctgga 1920 acagcgacat cgccctgctg gatgaacagg gggcgacgct
gtcctgcggc acccgatcg 1980 aggcggggcg ggtcctggac gggcgcgcg cgacggcgc gcggcatctg accgtgggtt
2040 tccagaaatt cgtgggcgtc gagatcgaga ccgactgcc ccacggcgtg ccccgcccga 2100 tgatcatgga cgcgaccgtc
accagcagg acgggtaccg attcatctat ctgctgcct 2160 tctctccgac gcgcatcctg atcgaggaca ctgctattc
cgatggcggc aatctggacg 2220 acgacgcgt ggcggcgcg tcccacgact atgcccga gcagggctgg accggggcgg
2280 aggtccggcg cgaacgcggc atcctgccc ttgcgtggc ccatgacgc gcgggcttct 2340 gggccgatca cgcggagggg
cctgttccc tgggactgc gcgggggtt ttaccaccg 2400 tcaccggcta ttcgtgccc tatgcggcg aggtggcgga
cgtggtggcg ggcctgtccg 2460 ggccgcccgg caccgacgc ctgcgcggcg ccatccgca ttacgcgatc gaccgggcac
2520 gccgtgaccg ctttctgcgc ctgctgaacc ggatgctgtt ccgcggtgc gcgcccgacc 2580 ggcgctatac cctgctgcag
cggttctacc gcatgccgca tggactgatc gaacggttct 2640 atgcccggcg gctgagcgtg gcggatcagc tgcgcatcgt

gaccggcaag cctccattc 2700 cccttggcac ggccatccgc tgcctgcccg aacgtcccct gctgaaggaa aacgcatgaa
 2760 cgccattcg cccgcggcca agaccgcat cgtgatcggc gcaggctttg gcgggctggc 2820 cctggccatc cgctgcagt
 ccgcgggcat cgccaccacc ctggtcgagg cccgggacaa 2880 gcccggcggg cgcgccatg tctggcacga tcagggccat
 gtcttcgacg cgggcccgc 2940 cgtcatcacc gacccgatg cgctcaagga gctgtgggcg ctgaccgggc aggacatggc
 3000 gcgcgacgtg acgtgatgc cgggtgcgc cttctatcga ctgatgtggc cgggcgggaa 3060 ggtcttcgat tacgtgaacg
 aggccgatca gctggagcgc cagatcgccc agttcaaccc 3120 ggacgacctg gaaggatacc gccgttccg tgattacgcg
 gaggaggtgt atcaggaggg 3180 ctacgtcaag ctgggcaccg tgccttccct caagctgggc cagatgctca aggccgcgc
 3240 cgcgctgatg aagctggagg cctataagtc cgtccatgcc aaggtcgca ctticatcaa 3300 ggaccctat ctgcggcagg
 cgttttcgta tcacacgtg ctgggtgggcg ggaatccctt 3360 ctgaccagc tcgatctatg cgctgatcca cgcgctggag
 cgcgcggcg ggtctggtt 3420 cgccaagggc ggcaccaacc agctggtcgc gggcatggc gcgctgttcg aacggcttgg
 3480 cgccagatg atgctgaacg ccaaggtcgc ccgatcgag accgagggcg cgcgaccac 3540 gggcgtcacc ctggcggacg
 ggcgtcttt aaggccgcgac atggtcgcca gcaacggcga 3600 cgtcatgcac aactatcgcg acctgctggg ccacacggcc
 cgcgggcaga gccgcgcgaa 3660 atcgctggac cgcaagcgt ggtccatgtc gttgttcgtg ctgcatttcg gtctgcgcga
 3720 ggcgccaag gacatcgcg atcacacat cctgttcggc cccgctaca gggagctggt 3780 caacgagatc ttcaagggcc
 cgaagctggc cgaggatttc tcgtgtacc tgcattcgcc 3840 ctgcacgacc gatccggaca tggcgccctc gggcatgtcc
 acgattacg tgctggcccc 3900 cgtgccgcat ctgggccgcg ccgagatcga ttgggcggtc gaggggccgc gctatgccga
 3960 ccgcatcctg gcgtccctgg aggagcggct gatcccgaac ctgcgcgcca acctgaccac 4020 gacgcgcac ttcacgccc
 ccgatttcgc cagcgaactg aacgcccac acggcagcgc 4080 cttctcggc gagccgatcc tgacgcaatc cgctgtgttc
 cgccgcaca accgcgacaa 4140 gacgatccgc aacttctatc tggtcggcgc gggcacccat ccgggcgcgg gcattccggg
 4200 cgtcgtgggc tcggccaagg ccacggccca ggtgatgctg tccgacctgg cgggcgcatg 4260 agcgatctgg tctgacctc
 gaccgaggcg atcacccaag ggtcgcaaag ctttgccacg 4320 gcggccaagc tgatgccgc gggcatccgc gacgacacgg
 tgatgctcta tgcctggtgc 4380 cgccacgcgg atgacgtgat cgacggtcag gccctgggca gccgccccga ggcggtgaac
 4440 gaccgcagg cgcggttga cggcctgcgc gtcgacacgc tggcgccct gcaggcgac 4500 ggtccggtga cccgcccctt
 tgccgcgctg cgcgcggtg cgcgcggcga tgatttccc 4560 caggcctggc ccatggacct gatcgaaggc ttcgcatgg
 atgtcgaggc gcgcgactat 4620 cgacgctgg atgacgtgct ggaatatcc tatcacgtc caggcatcgt cgcgctgatg

4680 atggcccgcg tgatgggcgt gcgcgacgat cctgtcctgg accgcgcctg cgacctgggg 4740 ctggcggttcc agctgaccaa
 catcgcgcg gcacgtgatcg acgatgcgcg catcgggcgg 4800 tgctatctgc cgggggactg gctggaccag gcgggcgcgc
 ggatcgacgg gccggtgccg 4860 tcgccggagc tgtacacagt gatcctccgg ctgttgatg aggcggaacc ctattacgcg
 4920 tcggcgcggg tgggtctggc ggatctgcca ccgcgctgcg cctgggtccat cgccgccgcg 4980 ctacggatct atcgcgccat
 cgggctgcgc atccgcaaga gcgggcccga ggcctatcgc 5040 cagcggatca gcacgtccaa ggctgccaag atcggcctgc
 tgggcgtcgg gggctgggat 5100 gtcgcgcgat cagcctgcc gggggcgggc gtgtcgcggc agggcctctg gacccggccg
 5160 catcacgtct aggcgcgcgc ggcgtagggc agaaccggtt ccagcagggc cgcgatttcc 5220 ggagcctgaa ggcgcttgct
 gcgcagcatc gcgtccagtt gggcgcggtt ggcctcgtaa 5280 tgacgggaca cgttctgcag gtctgacacg gccagaaggc
 cgcgccgcgg gccggggggc 5340 gcggcatcgc gaccggtatc ctgccaagc gccgcctggt cgcccacgac gtccagcagg
 5400 tcgtcatagg actggaacac gcggcccagc tgacggccaa agtcgatcat ctgggtctgc 5460 tcctcggcgt cgaactcctt
 gatcacggcc agcatctcca gcccggcgat gaacagcagc 5520 ccggtcttca ggtcctgttc ctgttcgacc cccgcgccgt
 tcttggccgc gtgcaggctc 5580 aggtcctggc cggcgcacag gccctgcggc cccagggacc gcgacaggat ccgcaccagc
 5640 tgcgcccga ccgtgcccga cgcgccgcgc gcaccggcca gcagggccat tgcctcggtg 5700 atcagggcga tgccgccag
 cacggcacgg ctttcgcat gcgccacatg ggtcgcgggc 5760 cggccgcggc gcagcccggc atcgtccatg cagggcaggt
 cgtcgaagat cagcgatgcg 5820 gcatgcacca tctcgaccgc gcaggcggcg tcgacgatc gtgcgacac cccgcccag
 5880 gcctctgccg caagcagcat cagcatgccg cggaaccgcc tgcccagca cagcgcgcca 5940 tggctcatgg ccgcgccag
 cggctgcgac acggcaccga atccctgggc gatctcctca 6000 agtctggtct gcagaagggt ggcgtggatc gggttgacgt
 ctcgtctcat cagtgccttc 6060 gcgcttgggt tctgacctgg cgggaaggtc aggcggggc ggcacccgt gacccgtcat
 6120 ccaccgtcaa cagtcccat gttggaacgg ttacgcccg attgcgagcc ttttcgacg 6180 cgacgcgggg tcgcgcggca
 atttgtccaa caaggtcagt gga 6223 <210> 2 <211> 729 <212> DNA <213> crtW
 gene <400> 2 atgagcgac atgccctgcc caaggcagat ctgaccgcca ccagcctgat cgtctcgggc 60 ggcatcatcg
 ccgcgtggct ggcctgcat gtgcatgcgc tgtggtttct ggacgcggcg 120 gcgcatcca tcctggcgat cgcaatttc
 ctggggctga cctggctgtc ggtcggctctg 180 ttcttcatcg ccatgacgc gatgcacggg tcggtcgtgc cggggcgtcc
 gcgcggcaat 240 gcggcgatgg gccagctggt cctgtggctg tatgccgat tttcgtggcg caagatgatc 300
 gtcaagcaca tggcccatca ccgccatacc ggaaccgacg acgaccccga tttcgacct 360 ggccggcccgg tccgctggtg

cgcgcgcttc atcggcacct atttcggctg gcgcgagggg 420 ctgctgctgc ccgtcatcgt gacggtctat gcgctgatcc
 tgggggatcg ctggatgtac 480 gtggtcttct ggccgctgcc gtcgatcctg gcgtcgatcc agctgttcgt gttcggcacc
 540 tggctgccgc accgccccgg ccacgacgcg ttcccggacc gccataatgc gcggtcgtcg 600 cggatcagcg accccgtgtc
 gctgctgacc tgctttcact ttggtgggta tcatcacgaa 660 caccacctgc acccgacggt gccttggtgg cgcctgccca
 gcacccgcac caagggggac 720 accgcatga
 729 <210> 3 <211> 242 <212> PRT <213> crtW amino acid <400> 3 Met Ser Ala His Ala Leu Pro
 Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu 1 5 10 15 Ile Val
 Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His 20 25
 30 Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala 35 40
 45 Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Phe Ile Ala 50 55
 60 His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Gly Asn 65 70
 75 80 Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp 8
 90 95 Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Thr Gly Thr 100
 105 110 Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala 115
 120 125 Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro 130
 135 140 Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr 145
 150 155 160 Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu
 Phe 165 170 175 Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro
 Gly His Asp Ala Phe Pro 180 185 190 Asp Arg His Asn Ala Arg
 Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu 195 200 205 Leu Thr Cys
 Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His 210 215 220 Pro
 Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp 225 230 235
 240 Thr Ala <210> 4 <211> 489 <212> DNA <213> crtZ gene <400> 4 atgaccaatt tcctgatcgt
 cgctgccacc gtgctgggtga tggagttgac ggcctattcc 60 gtccaccgtt ggatcatgca cggccccctg ggctggggct
 ggcacaagtc ccaccacgag 120 gaacacgacc acgcgctgga aaagaacgac ctgtacggcc tggctctttgc ggtgatcgcc

180 acggtgctgt tcacggtggg ctggatctgg gcgccggtcc tgtggtggat cgctttgggc 240 atgaccgtct atgggctgat
 ctatttcgtc ctgcatgacg ggctgggtca tcagcgctgg 300 ccgttccgct atatcccgcg caagggtat gcccgccgc
 tgtatcaggc ccaccgcctg 360 caccacgcgg tcgaggagcg cgaccattgc gtcagcttcg gcttcatcta tgcgccgccc
 420 gtcgacaagc tgaagcagga cctgaagacg tcgggcgtgc tgcgggccga ggccgaggag 480 cgcacgtga
 489 <210> 5 <211> 162 <212> PRT <213> crtZ amino acid <400> 5 Met Thr Asn Phe Leu Ile Val
 Val Ala Thr Val Leu Val Met Glu Leu 1 5 10 15 Thr Ala
 Tyr Ser Val His Arg Trp Ile Met His Gly Pro Leu Gly Trp 20 25
 30 Gly Trp His Lys Ser His His Glu Glu His Asp His Ala Leu Glu Lys 35 40
 45 Asn Asp Leu Tyr Gly Leu Val Phe Ala Val Ile Ala Thr Val Leu Phe 50 55
 60 Thr Val Gly Trp Ile Trp Ala Pro Val Leu Trp Trp Ile Ala Leu Gly 65 70
 75 80 Met Thr Val Tyr Gly Leu Ile Tyr Phe Val Leu His Asp Gly Leu Val 8
 90 95 His Gln Arg Trp Pro Phe Arg Tyr Ile Pro Arg Lys Gly Tyr Ala Arg 100
 105 110 Arg Leu Tyr Gln Ala His Arg Leu His His Ala Val Glu Gly Arg Asp 115
 120 125 His Cys Val Ser Phe Gly Phe Ile Tyr Ala Pro Pro Val Asp Lys Leu 130
 135 140 Lys Gln Asp Leu Lys Thr Ser Gly Val Leu Arg Ala Glu Ala Gln Glu 145
 150 155 160 Arg Thr <210> 6 <211> 1161 <212> DNA <213> crtY
 gene <400> 6 gtgacccatg acgtgctgct ggcagggggcg ggccttgcca acgggctgat cgccctggcg 60 ctgcgcgcgg
 cgcgccccga cctgcgggtg ctgctgctgg atcatgcggc gggaccgtca 120 gacggccata cctggctcctg ccacgacccc
 gatctgtcgc cgcaactggct ggccgcggctg 180 aagcccctgc gccgcgcaa ctggcccgac caggaggtgc gctttccccg
 ccatgccccg 240 cggctggcca ccggttacgg gtcgctggac ggggcggcgc tggcggatgc ggtggccccg 300
 tcgggcgccc agatccgctg gaacagcgac atcgccctgc tggatgaaca gggggcgacg 360 ctgtcctgcg gcacccggat
 cgaggcgggc gcggtcctgg acgggcgcgg cgccgagccg 420 tcgcggcatc tgaccgtggg tttccagaaa ttcgtgggcg
 tcgagatcga gaccgactgc 480 cccacggcg tgccccgcc gatgatcatg gacgcgaccg tcaccagca ggacgggtac
 540 cgattcatct atctgctgcc cttctctccg acgcgcatcc tgatcgagga cactcgctat 600 tccgatggcg gcaatctgga
 cgacgacgcg ctggcggcgg cgtccacga ctatgccgc 660 cagcagggt ggaccggggc cgaggctcgg cgcgaacgcg

gcatcctgcc cattgcgctg 720 gccatgacg cggcgggctt ctgggccgat cacgcggagg ggcctgttcc cgtgggactg
 780 cgcgcggggt tctttcaccg ggtcaccggc tattcgctgc cctatgcggc gcaggtggcg 840 gacgtgggtg cgggcctgtc
 cgggccgccc ggcaccgacg cgctgcgagg cgccatccgc 900 gattacgga tgcaccgggc acgccgtgac cgctttctgc
 gcctgctgaa ccggatgctg 960 ttccgcggct gcgcgcccga ccggcgctat accctgctgc agcggttcta ccgcatgccg
 1020 catggactga tcgaacggtt ctatgccggc cggctgagcg tggcggatca gctgcgcatc 1080 gtgaccggca agcctcccat
 tccccttggc acggccatcc gctgcctgcc cgaacgtccc 1140 ctgctgaagg aaaacgcatg a
 1161 <210> 7 <211> 386 <212> PRT <213> crtY amino acid <400> 7 Val Thr His Asp Val Leu Leu
 Ala Gly Ala Gly Leu Ala Asn Gly Leu 1 5 10 15 Ile Ala -
 Leu Ala Leu Arg Ala Ala Arg Pro Asp Leu Arg Val Leu Leu 20 25
 30 Leu Asp His Ala Ala Gly Pro Ser Asp Gly His Thr Trp Ser Cys His 35 40
 45 Asp Pro Asp Leu Ser Pro His Trp Leu Ala Arg Leu Lys Pro Leu Arg 50 55
 60 Arg Ala Asn Trp Pro Asp Gln Glu Val Arg Phe Pro Arg His Ala Arg 65 70
 75 80 Arg Leu Ala Thr Gly Tyr Gly Ser Leu Asp Gly Ala Ala Leu Ala Asp 8
 90 95 Ala Val Ala Arg Ser Gly Ala Glu Ile Arg Trp Asn Ser Asp Ile Ala 100
 105 110 Leu Leu Asp Glu Gln Gly Ala Thr Leu Ser Cys Gly Thr Arg Ile Glu 115
 120 125 Ala Gly Ala Val Leu Asp Gly Arg Gly Ala Gln Pro Ser Arg His Leu 130
 135 140 Thr Val Gly Phe Gln Lys Phe Val Gly Val Glu Ile Glu Thr Asp Cys 145
 150 155 160 Pro His Gly Val Pro Arg Pro Met Ile Met Asp Ala Thr Val Thr
 Gln 165 170 175 Gln Asp Gly Tyr Arg Phe Ile Tyr Leu Leu
 Pro Phe Ser Pro Thr Arg 180 185 190 Ile Leu Ile Glu Asp Thr
 Arg Tyr Ser Asp Gly Gly Asn Leu Asp Asp 195 200 205 Asp Ala Leu
 Ala Ala Ala Ser His Asp Tyr Ala Arg Gln Gln Gly Trp 210 215 220 Thr
 Gly Ala Glu Val Arg Arg Glu Arg Gly Ile Leu Pro Ile Ala Leu 225 230 235
 240 Ala His Asp Ala Ala Gly Phe Trp Ala Asp His Ala Glu Gly Pro Val 245
 250 255 Pro Val Gly Leu Arg Ala Gly Phe Phe His Pro Val Thr Gly Tyr Ser 260

265 270 Leu Pro Tyr Ala Ala Gln Val Ala Asp Val Val Ala Gly Leu Ser Gly 275
 280 285 Pro Pro Gly Thr Asp Ala Leu Arg Gly Ala Ile Arg Asp Tyr Ala Ile 290
 295 300 Asp Arg Ala Arg Arg Asp Arg Phe Leu Arg Leu Leu Asn Arg Met Leu 305
 310 315 320 Phe Arg Gly Cys Ala Pro Asp Arg Arg Tyr Thr Leu Leu Gln Arg
 Phe 325 330 335 Tyr Arg Met Pro His Gly Leu Ile Glu Arg
 Phe Tyr Ala Gly Arg Leu 340 345 350 Ser Val Ala Asp Gln Leu
 Arg Ile Val Thr Gly Lys Pro Pro Ile Pro 355 360 365 Leu Gly Thr
 Ala Ile Arg Cys Leu Pro Glu Arg Pro Leu Leu Lys Glu 370 375 380 Asn
 Ala 385 <210> 8 <211> 1506 <212> DNA <213> crtI gene <400> 8 atgaacgcc attcgccgc
 ggccaagacc gccatcgtga tcggcgcagg ctttggcggg 60 ctggccctgg ccatccgcct gcagtcgcg ggcatcgcca
 ccaccttggt cgaggcccgg 120 gacaagcccg gcgggcgcgc ctatgtctgg cacgatcagg gccatgtctt cgacgcgggc
 180 ccgaccgtca tcaccgaccc cgatgcgctc aaggagctgt gggcgcgtgac cgggcaggac 240 atggcgcgcg acgtgacgt
 gatgccggtg tcgcccttct atcgactgat gtggccgggc 300 gggaaggtct tcgattacgt gaacgaggcc gatcagctgg
 agcgccagat cgcccagttc 360 aaccgggacg acctggaagg ataccgccgc ttccgtgatt acgcggagga ggtgtatcag
 420 gagggctacg tcaagctggg caccgtgccc ttctcaagc tgggccagat gctcaaggcc 480 gcgcccgcgc tgatgaagct
 ggaggcctat aagtcctgcc atgccaaggt cgcgaccttc 540 atcaaggacc cctatctgcg gcaggcgitt tcgtatcaca
 cgctgctggt gggcgggaat 600 cccttctcga ccagctcgat ctatgcgctg atccacgcgc tggagcggcg cggcggggtc
 660 tggttcgcca agggcggcac caaccagctg gtcgcgggca tggtcgcgt gttcgaacgg 720 cttggcggcc agatgatgct
 gaacgccaag gtcgcccgga tcgagaccga gggcgcgcgg 780 accacgggcg tcaccctggc ggacgggcgg tctttaaggg
 ccgacatggt cgccagcaac 840 ggcgacgtca tgcacaacta tcgcgacctg ctgggccaca cggcccgcgg gcagagccgc
 900 gcgaaatcgc tggaccgcaa gcgctgggtcc atgtcgttgt tcgtgctgca tttcgggtctg 960 cgcgaggcgc ccaaggacat
 cgcgcatcac accatcctgt tcggcccccg ctacaggag 1020 ctggtcaacg agatcttcaa gggcccgaag ctggccgagg
 atttctcgt gtacctgcat 1080 tcgccctgca cgaccgatcc ggacatggcg cctccgggca tgtccacgca ttacgtgctg
 1140 gccccgtgc cgcatctggg ccgcgccgag atcgattggg cggtcgaggg gccgcgctat 1200 gccgaccgca tcctggcgctc
 cctggaggag cggctgatcc cgaacctgcg cgccaacctg 1260 accacgacgc gcattttcac gcccgccgat ttcgccagcg

aactgaacgc ccatcacggc 1320 agcgccttct cggtcgagcc gacccctgacg caatccgcgt gggtccggcc gcacaaccgc
 1380 gacaagacga tccgcaactt ctatctggtc ggcgcgggca cccatccggg cgcgggcatt 1440 ccgggcgtcg tgggctcggc
 caaggccacg gccaggtga tgctgtccga cctggcgggc 1500 gcatga
 1506 <210> 9 <211> 501 <212> PRT <213> crrl amino acid <400> 9 Met Asn Ala His Ser Pro Ala
 Ala Lys Thr Ala Ile Val Ile Gly Ala 1 5 10 15 Gly Phe
 Gly Gly Leu Ala Leu Ala Ile Arg Leu Gln Ser Ala Gly Ile 20 25
 30 Ala Thr Thr Leu Val Glu Ala Arg Asp Lys Pro Gly Gly Arg Ala Tyr 35 40
 45 Val Trp His Asp Gln Gly His Val Phe Asp Ala Gly Pro Thr Val Ile 50 55
 60 Thr Asp Pro Asp Ala Leu Lys Glu Leu Trp Ala Leu Thr Gly Gln Asp 65 70
 75 80 Met Ala Arg Asp Val Thr Leu Met Pro Val Ser Pro Phe Tyr Arg Leu 8
 90 95 Met Trp Pro Gly Gly Lys Val Phe Asp Tyr Val Asn Glu Ala Asp Gln 100
 105 110 Leu Glu Arg Gln Ile Ala Gln Phe Asn Pro Asp Asp Leu Glu Gly Tyr 115
 120 125 Arg Arg Phe Arg Asp Tyr Ala Glu Glu Val Tyr Gln Glu Gly Tyr Val 130
 135 140 Lys Leu Gly Thr Val Pro Phe Leu Lys Leu Gly Gln Met Leu Lys Ala 145
 150 155 160 Ala Pro Ala Leu Met Lys Leu Glu Ala Tyr Lys Ser Val His Ala
 Lys 165 170 175 Val Ala Thr Phe Ile Lys Asp Pro Tyr Leu
 Arg Gln Ala Phe Ser Tyr 180 185 190 His Thr Leu Leu Val Gly
 Gly Asn Pro Phe Ser Thr Ser Ser Ile Tyr 195 200 205 Ala Leu Ile
 His Ala Leu Glu Arg Arg Gly Gly Val Trp Phe Ala Lys 210 215 220 Gly
 Gly Thr Asn Gln Leu Val Ala Gly Met Val Ala Leu Phe Glu Arg 225 230 235
 240 Leu Gly Gly Gln Met Met Leu Asn Ala Lys Val Ala Arg Ile Glu Thr 245
 250 255 Glu Gly Ala Arg Thr Thr Gly Val Thr Leu Ala Asp Gly Arg Ser Leu 260
 265 270 Arg Ala Asp Met Val Ala Ser Asn Gly Asp Val Met His Asn Tyr Arg 275
 280 285 Asp Leu Leu Gly His Thr Ala Arg Gly Gln Ser Arg Ala Lys Ser Leu 290
 295 300 Asp Arg Lys Arg Trp Ser Met Ser Leu Phe Val Leu His Phe Gly Leu 305

310 315 320 Arg Glu Ala Pro Lys Asp Ile Ala His His Thr Ile Leu Phe Gly
 Pro 325 330 335 Arg Tyr Arg Glu Leu Val Asn Glu Ile Phe
 Lys Gly Pro Lys Leu Ala 340 345 350 Glu Asp Phe Ser Leu Tyr
 Leu His Ser Pro Cys Thr Thr Asp Pro Asp 355 360 365 Met Ala Pro
 Pro Gly Met Ser Thr His Tyr Val Leu Ala Pro Val Pro 370 375 380 His
 Leu Gly Arg Ala Glu Ile Asp Trp Ala Val Glu Gly Pro Arg Tyr 385 390 395
 400 Ala Asp Arg Ile Leu Ala Ser Leu Glu Glu Arg Leu Ile Pro Asn Leu 405
 410 415 Arg Ala Asn Leu Thr Thr Thr Arg Ile Phe Thr Pro Ala Asp Phe Ala 420
 425 430 Ser Glu Leu Asn Ala His His Gly Ser Ala Phe Ser Val Glu Pro Ile 435
 440 445 Leu Thr Gln Ser Ala Trp Phe Arg Pro His Asn Arg Asp Lys Thr Ile 450
 455 460 Arg Asn Phe Tyr Leu Val Gly Ala Gly Thr His Pro Gly Ala Gly Ile 465
 470 475 480 Pro Gly Val Val Gly Ser Ala Lys Ala Thr Ala Gln Val Met Leu
 Ser 485 490 495 Asp Leu Ala Gly Ala 500 <
 210> 10 <211> 915 <212> DNA <213> crtB gene <400> 10 atgagcgatc tggctcctgac ctcgaccgag
 gcgatcacc aagggtcgca aagctttgcc 60 acggcggcca agctgatgcc gccgggcac cgcgacgaca cggatgatgct
 ctatgcctgg 120 tgccgccacg cggatgacgt gatcgacggt caggccctgg gcagccgccc cgaggcgggtg 180
 aacgaccgc aggcgcggct ggacggcctg cgcgtcgaca cgctggcggc cctgcagggc 240 gacgggtccg tgaccccgcc
 ctttgccgcg ctgcgcgcg tggcgcggcg gcatgatttc 300 ccgcaggcct ggcccatgga cctgatcgaa ggcttcgca
 tggatgtcga ggcgcgcgac 360 tatcgacgc tggatgacgt gctggaatat tcctatcacg tcgcaggcat cgtcggcgtg
 420 atgatggccc gcgtgatggg cgtgcgcgac gatcctgtcc tggaccgcg ctcgcacctg 480 gggctggcgt tccagctgac
 caacatcgcg cgcgacgtga tcgacgatgc gcgcatcggg 540 cggtgctatc tgccggggga ctggctggac caggcgggcg
 cgcgatcga cgggcccgtg 600 ccgtcgccg agctgtacac agtgatcctc cggctgttgg atgaggcgga accctattac
 660 gcgtcggcgc ggggtgggtct ggcggatctg ccaccgcgt gcgcctggtc catcgccgcc 720 gcgctacgga tctatcgcg
 catcgggctg cgcatccgca agagcgggccc gcaggcctat 780 cgccagcgga tcagcacgtc caaggctgcc aagatcggcc
 tgctgggctg cgggggctgg 840 gatgtcgcg gatcacgct gccggggcg ggcgtgtcg ggcaggcct ctggaccg

900 ccgcatcacg tctag

915 <210> 11 <211> 304

<212> PRT <213> crtB amino acid <400> 11 Met Ser Asp Leu Val Leu Thr Ser Thr Glu Ala Ile Thr Gln

Gly Ser 1 5 10 15 Gln Ser Phe Ala Thr Ala Ala Lys Leu

Met Pro Pro Gly Ile Arg Asp 20 25 30 Asp Thr Val Met Leu

Tyr Ala Trp Cys Arg His Ala Asp Asp Val Ile 35 40 45 Asp Gly

Gln Ala Leu Gly Ser Arg Pro Glu Ala Val Asn Asp Pro Gln 50 55 60

Ala Arg Leu Asp Gly Leu Arg Val Asp Thr Leu Ala Ala Leu Gln Gly 65 70 7

80 Asp Gly Pro Val Thr Pro Pro Phe Ala Ala Leu Arg Ala Val Ala Arg 85 9

95 Arg His Asp Phe Pro Gln Ala Trp Pro Met Asp Leu Ile Glu Gly Phe 100 105

110 Ala Met Asp Val Glu Ala Arg Asp Tyr Arg Thr Leu Asp Asp Val Leu 115 120

125 Glu Tyr Ser Tyr His Val Ala Gly Ile Val Gly Val Met Met Ala Arg 130 135

140 Val Met Gly Val Arg Asp Asp Pro Val Leu Asp Arg Ala Cys Asp Leu 145 150

155 160 Gly Leu Ala Phe Gln Leu Thr Asn Ile Ala Arg Asp Val Ile Asp Asp

165 170 175 Ala Arg Ile Gly Arg Cys Tyr Leu Pro Gly Asp Trp Leu Asp Gln

Ala 180 185 190 Gly Ala Arg Ile Asp Gly Pro Val Pro Ser Pro

Glu Leu Tyr Thr Val 195 200 205 Ile Leu Arg Leu Leu Asp Glu Ala

Glu Pro Tyr Tyr Ala Ser Ala Arg 210 215 220 Val Gly Leu Ala Asp Leu

Pro Pro Arg Cys Ala Trp Ser Ile Ala Ala 225 230 235 240

Ala Leu Arg Ile Tyr Arg Ala Ile Gly Leu Arg Ile Arg Lys Ser Gly 245 250

255 Pro Gln Ala Tyr Arg Gln Arg Ile Ser Thr Ser Lys Ala Ala Lys Ile 260 265

270 Gly Leu Leu Gly Val Gly Gly Trp Asp Val Ala Arg Ser Arg Leu Pro 275 280

285 Gly Ala Gly Val Ser Arg Gln Gly Leu Trp Thr Arg Pro His His Val 290 295

300 <210> 12 <211> 882 <212> DNA <213> crtE gene <400> 12 atgagacgag acgtcaaccc gatccacgc

acccttctgc agaccagact tgaggagatc 60 gccagggat tcggtgccgt gtcgcagccg ctcggcgcg g ccatgagcca

tggcgcgctg 120 tcgtcgggca ggcggttccg cggcatgctg atgctgcttg cggcagaggc ctcgggcggg 180


```

gtctgcgaca cgatcgtcga cgccgcctgc gcggtcgaga tggatcatgc cgcacgctg      240 atcttcgacg acctgccctg
catggacgat gccgggctgc gccgcggccg gccgcgacc      300 catgtggcgc atggcgaaag ccgtgccgtg ctgggcggca
tcgccctgat caccgaggca      360 atggccctgc tggccggtgc gcgcggcgcg tcgggcacgg tgcgggcgca gctggtgcgg
420 atcctgtcgc ggtccctggg gccgcagggc ctgtgcgccg gccaggacct ggacctgcac      480 gcggccaaga acggcgcggg
ggtcgaacag gaacaggacc tgaagaccgg cgtgctgttc      540 atcgccgggc tggagatgct ggccgtgatc aaggagtctg
acgccgagga gcagaccag      600 atgatcgact ttggccgtca gctgggcgcg gtgttccagt cctatgacga cctgctggac
660 gtcgtgggcg accaggcggc gcttggcaag gataccggtc gcgatgccgc ggcccccggc      720 ccgcggcgcg gccttctggc
cgtgtcagac ctgcagaacg tgtcccgta ttacagggcc      780 agccgcgccc aactggacgc gatgctgcgc agcaagcgcc
ttcaggctcc ggaaatcgcg      840 gccctgctgg aacgggttct gccctacgcc gcgcgcgcct ag
882 <210>      13 <211>      293 <212>      PRT <213>      crtE amino acid <400>      13 Met Arg Arg Asp Val Asn Pr
Ile His Ala Thr Leu Leu Gln Thr Arg      1      5      10      15 Leu Glu
Glu Ile Ala Gln Gly Phe Gly Ala Val Ser Gln Pro Leu Gly      20      25
30 Ala Ala Met Ser His Gly Ala Leu Ser Ser Gly Arg Arg Phe Arg Gly      35      40
45 Met Leu Met Leu Leu Ala Ala Glu Ala Ser Gly Gly Val Cys Asp Thr      50      55
60 Ile Val Asp Ala Ala Cys Ala Val Glu Met Val His Ala Ala Ser Leu      65      70
75      80 Ile Phe Asp Asp Leu Pro Cys Met Asp Asp Ala Gly Leu Arg Arg Gly      8
90      95 Arg Pro Ala Thr His Val Ala His Gly Glu Ser Arg Ala Val Leu Gly      100
105      110 Gly Ile Ala Leu Ile Thr Glu Ala Met Ala Leu Leu Ala Gly Ala Arg      115
120      125 Gly Ala Ser Gly Thr Val Arg Ala Gln Leu Val Arg Ile Leu Ser Arg      130
135      140 Ser Leu Gly Pro Gln Gly Leu Cys Ala Gly Gln Asp Leu Asp Leu His      145
150      155      160 Ala Ala Lys Asn Gly Ala Gly Val Glu Gln Glu Gln Asp Leu Lys
Thr      165      170      175 Gly Val Leu Phe Ile Ala Gly Leu Glu Met
Leu Ala Val Ile Lys Glu      180      185      190 Phe Asp Ala Glu Glu Gln
Thr Gln Met Ile Asp Phe Gly Arg Gln Leu      195      200      205 Gly Arg Val
Phe Gln Ser Tyr Asp Asp Leu Leu Asp Val Val Gly Asp      210      215      220 Gln

```

Ala Ala Leu Gly Lys Asp Thr Gly Arg Asp Ala Ala Ala Pro Gly 225 230 235
 240 Pro Arg Arg Gly Leu Leu Ala Val Ser Asp Leu Gln Asn Val Ser Arg 245
 250 255 His Tyr Glu Ala Ser Arg Ala Gln Leu Asp Ala Met Leu Arg Ser Lys 260
 265 270 Arg Leu Gln Ala Pro Glu Ile Ala Ala Leu Leu Glu Arg Val Leu Pro 275
 280 285 Tyr Ala Ala Arg Ala 290 <210> 14 <211> 19 <212> DNA <213>
 Artificial Sequence <220> <223> forward primer for crt gene <400> 14 gttccacgac tggggcatc
 19 <210> 15 <211> 28 <212> DNA <213> Artificial Sequence <220> <223> reverse primer for cr
 gene <400> 15 tccactgacc ttgttgaca aattgccg 28